

UNIVERSIDAD CARLOS III DE MADRID

ESCUELA POLITÉCNICA SUPERIOR



Departamento de Bioingeniería e Ingeniería Aeroespacial

PROYECTO FIN DE CARRERA

**DESARROLLO DE INTERFACE DE ADQUISICIÓN DE
DATOS Y RECONSTRUCCIÓN DE IMAGEN PARA
TOMÓGRAFO SPECT DE ANIMALES DE LABORATORIO**

Autor: Aurora María Olmo Castillo

Tutor: Eduardo Lage Negro

Leganés, Enero de 2012

Título: *Desarrollo de interface de adquisición de datos y reconstrucción de imagen para tomógrafo SPECT de animales de laboratorio.*

Realización: *Laboratorio de Imagen Médica, Unidad de Medicina y Cirugía Experimental. Hospital General Universitario Gregorio Marañón.*

Autor: *Aurora María Olmo Castillo.*

Director: *Eduardo Lage Negro.*

Ponente: *Juan José Vaquero López.*

EL TRIBUNAL

Presidente: _____

Vocal: _____

Secretario: _____

Realizado el acto de defensa y lectura del Proyecto Fin de Carrera el día ____ de _____ de 20__ en Leganés, en la Escuela Politécnica Superior de la Universidad Carlos III de Madrid, acuerda otorgarle la CALIFICACIÓN de

VOCAL

SECRETARIO

PRESIDENTE

A mis padres y hermana

A María y Cris

AGRADECIMIENTOS

Son tantas las personas que han hecho posible la finalización de esta aventura que no sé si es posible nombrarlas a todas, pero ese es el objetivo de los siguientes párrafos.

Quiero dedicar este proyecto a mis padres, por confiar en mí, por su infinita paciencia y su gran apoyo siempre. **GRACIAS.**

A mi hermana, que ha sido siempre mi ejemplo a seguir. Gracias a ella, decidí empezar una ingeniería y juntas he conseguido terminarla. Sus consejos y su gran apoyo han servido de mucho a lo largo de estos años y este es el resultado. **GRACIAS TATI.**

A Almudena, porque llegó a casa justo en el inicio de esta carrera y han sido muchos los días de estudio y aventuras juntas. Es mucho más que mi prima.

Al resto de la familia, porque han sabido estar ahí en todo momento y darme ánimos siempre que lo he necesitado. En especial a mis padrinos, tíos y primas.

No puedo olvidarme de mis "*primas de Getafe*" porque también son de la familia.

Tengo que mencionar de manera especial a mis *compañeros de universidad*, sólo ellos saben lo duros que han sido estos años. Son muchas las prácticas, días de estudio y exámenes que hemos pasado juntos. Sin ellos habría sido imposible llegar hasta aquí. Me han enseñado muchas cosas, no sólo en el ámbito académico, por eso este proyecto también es suyo.

Gracias por resolver todas mis dudas, aconsejarme en momentos difíciles, hacerme reír cada día y apoyarme en todo, sois verdaderos amigos. **GRACIAS EQUIPO.**

A mi *compañero de prácticas*, porque a pesar de mis agobios siempre me ha hecho ver lo difícil, fácil. Lo he pasado genial trabajando con él y sus ánimos y opiniones han servido de mucho en los últimos tiempos.

A Estefanía, porque gracias a ella conocí el LIM y me impulsó a comenzar esta aventura.

A Manolo y Juanjo, por dejarme formar parte del LIM. A Edu por sus explicaciones y consejos y a Mónica por tener tanta paciencia con mis dudas de reconstrucción.

También quiero dar las gracias a todo el LIM, porque me han hecho sentir una más desde el primer día y especialmente a la *banda buffer* por aguantar mis momentos críticos, resolver mis dudas, poner temazos, escuchar tantas veces la presentación y hacer que cada día en el laboratorio haya sido diferente y único. **MUCHAS GRACIAS.**

Tengo que nombrar a Carlos, Claudia, Juanjo y Martín porque aunque parezca que el mundo de la investigación es demasiado para nosotros, sois muy grandes.

Tengo que nombrar de manera especial a dos de las personas que más se han implicado en este proyecto: *Carmen* y *Vero*. Ellas han sabido resolver todas mis dudas de IDL con una sonrisa, aclarar todos los conceptos que estaban en el aire, aconsejarme en todo momento dentro y fuera del laboratorio y confiar en mí. Gracias a su dedicación he podido desarrollar este proyecto. Sois un ejemplo a seguir, tanto en el ámbito laboral como en el personal. **GRACIAS CHICAS.**

RESUMEN

El presente proyecto describe el trabajo realizado para el desarrollo de la interfaz de usuario de un tomógrafo SPECT (*Single Photon Emission Computed Tomography*) para pequeños animales de laboratorio. El objetivo principal del proyecto ha sido la implementación del software necesario para dotar al aparato con una herramienta desde la que el usuario puede realizar la adquisición de datos y reconstrucción de imágenes.

El documento se ha estructurado en nueve capítulos, en los que se detallan desde las nociones básicas sobre la modalidad de imagen médica conocida como SPECT, hasta las pruebas realizadas para validar el correcto funcionamiento de la aplicación y las conclusiones obtenidas a partir de ellas. Los capítulos intermedios exponen los componentes del tomógrafo SPECT para el cual se ha realizado este trabajo, las herramientas empleadas para la implementación de dicha interfaz y el desarrollo software realizado. Los últimos tres capítulos describen el presupuesto estimado para la realización del proyecto, el conjunto de acrónimos utilizados a lo largo del documento y la bibliografía citada en el mismo.

PALABRAS CLAVE:

SPECT, interfaz de usuario, adquisición, reconstrucción, proyección.

El presente proyecto ha sido realizado en el departamento de Medicina y Cirugía Experimental del Hospital General Universitario Gregorio Marañón de Madrid, bajo la dirección del Dr. Eduardo Lage Negro.

ÍNDICE GENERAL

1. INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS	1
1.1. INTRODUCCIÓN	1
1.2. OBJETIVOS	4
1.3. FASES DE DESARROLLO	5
1.4. ESTRUCTURA DE LA MEMORIA	6
2. INTRODUCCIÓN A LA TÉCNICA SPECT	8
2.1. INTRODUCCIÓN A LA IMAGEN NUCLEAR	8
2.2. LA TÉCNICA SPECT	9
2.3. ISÓTOPOS UTILIZADOS EN SPECT	10
2.4. FUNDAMENTOS FÍSICOS DE LA MEDICINA NUCLEAR	12
2.4.1. PROCESOS DE DESINTEGRACIÓN RADIOACTIVA.....	12
2.4.2. INTERACCIONES ENTRE LOS RAYOS GAMMA Y LA MATERIA	13
2.4.3. LEY DE ATENUACIÓN PARA FOTONES	14
2.5. LA GAMMA CÁMARA	15
2.6. RESOLUCIÓN DE ENERGÍA	22
2.7. ADQUISICIÓN DE DATOS	23
2.7.1. MODOS DE ADQUISICIÓN.....	24
2.8. PROCESADO DE LOS DATOS	25
2.9. RECONSTRUCCIÓN TOMOGRÁFICA	26
2.9.1. SISTEMAS PROYECTIVOS.....	26
2.9.2. CONCEPTO DE PROYECCIÓN.....	27
2.9.3. ALGORITMOS DE RECONSTRUCCIÓN.....	30
2.10. INVESTIGACIÓN CON ANIMALES Y SU RELACIÓN CON LA TÉCNICA SPECT	35
3. DESCRIPCIÓN SISTEMA DE ADQUISICIÓN	41
3.1. ESTRUCTURA DEL SISTEMA	41
3.2. SOFTWARE DE ADQUISICIÓN DE DATOS	45
3.2.1. CARACTERÍSTICAS DEL SOFTWARE DE ADQUISICIÓN	46
3.2.2. ESPECIFICACIONES FUNCIONALES Y CRITERIOS DE DISEÑO DE LA INTERFAZ DE USUARIO	53
3.2.3. DESCRIPCIÓN DE ARCHIVOS DESTACADOS	53
3.2.4. DIAGRAMA DE ESTADOS DEL DAQ_SPECT.....	60

4. DESARROLLO DE LA APLICACIÓN	65
4.1. HERRAMIENTAS Y LENGUAJES EMPLEADOS	65
4.2. INTERFAZ DEL SISTEMA DE ADQUISICIÓN DE DATOS	66
4.2.1. COMUNICACIÓN ENTRE EL PC DE USUARIO Y EL PC DE CONTROL.....	66
4.2.2. UTILIZACIÓN DEL PROTOCOLO FTP	70
4.2.3. DESARROLLO DE LA INTERFAZ DE ADQUISICIÓN DE DATOS DEL TOMÓGRAFO FSPECT.....	76
4.3. INTERFAZ DEL SISTEMA DE RECONSTRUCCIÓN DE IMAGEN .	105
4.3.1. DESARROLLO DE LA INTERFAZ DE RECONSTRUCCIÓN DE IMÁGENES DEL TOMÓGRAFO FSPECT.....	121
5. EVALUACIÓN DE LA INTERFAZ DE USUARIO	134
6. CONCLUSIONES Y LÍNEAS FUTURAS.....	143
6.1. CONCLUSIONES.....	143
6.2. LÍNEAS FUTURAS.....	144
7. PRESUPUESTO	146
8. GLOSARIO	151
9. REFERENCIAS	154

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.1. <i>Obtención de proyecciones en distintas posiciones angulares.....</i>	<i>1</i>
Figura 1.2. <i>Visualización 3D de un estudio óseo de rata.....</i>	<i>2</i>
Figura 1.3. <i>Imágenes CT (en escala de grises) y SPECT (en escala de rojos) fusionadas. La imagen muestra la vista coronal de una rata a 1, 24 y 48 horas tras la implantación de células mesenquimales humanas marcadas con ^{111}In-oxina en la tibia izquierda.....</i>	<i>3</i>
Figura 2.1. <i>Cortes según los planos axial, coronal y sagital de un volumen 3D obtenido a partir de un estudio SPECT cerebral.....</i>	<i>9</i>
Figura 2.2. <i>Esquema de la absorción fotoeléctrica, de un fotón por parte de un átomo.....</i>	<i>13</i>
Figura 2.3. <i>Esquema de la dispersión Compton.....</i>	<i>14</i>
Figura 2.4. <i>Atenuación de un haz de fotones al atravesar un medio material de longitud x.....</i>	<i>14</i>
Figura 2.5. <i>Componentes básicos de una gamma cámara.....</i>	<i>15</i>
Figura 2.6. <i>Colimador pinhole.....</i>	<i>16</i>
Figura 2.7. <i>Colimador de agujeros paralelos.....</i>	<i>17</i>
Figura 2.8. <i>Colimador divergente.....</i>	<i>17</i>
Figura 2.9. <i>Colimador convergente.....</i>	<i>18</i>
Figura 2.10. <i>Esquema de un detector basado en centellador.....</i>	<i>19</i>
Figura 2.11. <i>Estructura de dínodos utilizada en algunos fotomultiplicadores sensibles a posición y posibles trayectorias de los electrones.....</i>	<i>21</i>
Figura 2.12. <i>Distribución de energía típica ideal para un detector de radiación expuesto a fotones monoenergéticos de 140 keV.....</i>	<i>22</i>
Figura 2.13. <i>Distribución de energía real y ejemplo de cálculo de resolución de energía.....</i>	<i>22</i>
Figura 2.14. <i>Esquema genérico de la disposición de los datos en modo proyección.....</i>	<i>24</i>
Figura 2.15. <i>Esquema genérico de la disposición de los datos en gated mode.....</i>	<i>25</i>
Figura 2.16. <i>Esquema genérico de la disposición de los datos en modo lista.....</i>	<i>25</i>
Figura 2.17. <i>Concepto de proyección.....</i>	<i>28</i>
Figura 2.18. <i>Definición de proyección de un objeto 2D.....</i>	<i>28</i>
Figura 2.19. <i>Proyecciones de una fuente puntual y ordenación de las mismas para construir un sinograma.....</i>	<i>29</i>
Figura 2.20. <i>Sinograma de un punto.....</i>	<i>30</i>
Figura 2.21. <i>Ejemplo de sinograma real.....</i>	<i>30</i>
Figura 2.22. <i>Método de reconstrucción de imagen basado en la retroproyección.....</i>	<i>31</i>
Figura 2.23. <i>Apilamiento de cortes transversales para la obtención de un volumen tridimensional.....</i>	<i>32</i>
Figura 2.24. <i>Artefactos en estrella alrededor del objeto reconstruido.....</i>	<i>32</i>
Figura 2.25. <i>Distribución de frecuencias en imágenes SPECT.....</i>	<i>33</i>
Figura 2.26. <i>Filtro rampa.....</i>	<i>33</i>

Figura 2.27. Diagrama de flujo utilizado en un algoritmo iterativo para obtener la imagen reconstruida.....	34
Figura 2.28. Ejemplo de reconstrucción iterativa. De izquierda a derecha, el número de iteraciones aumenta en cada imagen.....	35
Figura 2.29. Representación de los componentes utilizados en la notación de un algoritmo de reconstrucción iterativo de tipo EM.....	35
Figura 2.30. Ratones modificados genéticamente que se utilizan en investigación.....	36
Figura 2.31. Comparación de las geometrías del colimador de agujeros paralelos, pinhole y multipinhole en imagen preclínica de pequeño animal.....	38
Figura 2.32. Distintos tipos de órbita disponibles en sistemas SPECT.....	39
Figura 3.1. Diagrama de bloques del tomógrafo FSPECT.....	41
Figura 3.2. Sistema de movimientos del tomógrafo FSPECT.....	42
Figura 3.3. Vista frontal del sistema completo del tomógrafo FSPECT.....	43
Figura 3.4. Detector del tomógrafo FSPECT.....	44
Figura 3.5. Colimadores que pueden instalarse en los detectores del tomógrafo FSPECT.....	44
Figura 3.6. Comunicación entre ambos equipos.....	45
Figura 3.7. Diagrama de estados del software de adquisición.....	59
Figura 4.1. Comunicación entre ambos equipos usando el programa connect.exe.....	67
Figura 4.2. Línea de comandos enviada desde la interfaz de adquisición para ejecutar un determinado comando en el PC de control.....	67
Figura 4.3. Parámetros disponibles en el programa connect.exe.....	68
Figura 4.4. Transferencia de archivos en ambos sentidos, usando el protocolo FTP.....	70
Figura 4.5. Parámetros disponibles en el protocolo FTP.....	71
Figura 4.6. Parámetros FTP utilizados para la transferencia de archivos.....	71
Figura 4.7. Ejemplo de línea de parámetros utilizada para subir/descargar ficheros.....	71
Figura 4.8. Estructura de directorios de la carpeta CURRENT_SPECT.....	73
Figura 4.9. Estructura de directorios de la carpeta ACQX vacía.....	74
Figura 4.10. Descarga de todos los ficheros contenidos en la carpeta CURRENT_SPECT a la carpeta ACQ1.....	75
Figura 4.11. Diagrama de flujo de la interfaz de adquisición de datos.....	76
Figura 4.12. Interfaz de la aplicación FSPECT. Selección del botón ACQUISITION.....	77
Figura 4.13. Diagrama de flujo del arranque de la aplicación.....	78
Figura 4.14. Comprobación existencia del proceso daq_SPECT arrancado desde la interfaz de adquisición.....	79
Figura 4.15. Primera pantalla de adquisición.....	80
Figura 4.16. Pestaña DATA de la interfaz de adquisición.....	80
Figura 4.17. Pestaña STUDY de la interfaz de adquisición.....	81
Figura 4.18. Posición habitual del sujeto a estudiar en la cama.....	81
Figura 4.19. Distintas posiciones del sujeto a estudiar en la cama.....	81
Figura 4.20. Pestaña SUBJECT de la interfaz de adquisición.....	82

Figura 4.21. <i>Primer directorio de adquisición creado</i>	82
Figura 4.22. <i>Tercer directorio de adquisición creado</i>	83
Figura 4.23. <i>Primera pantalla de adquisición con datos del paciente y del estudio en cada una de las pestañas correspondientes. La parte central de la ventana se activa para que el usuario introduzca los datos del estudio</i>	83
Figura 4.24. <i>Selección del protocolo de adquisición</i>	84
Figura 4.25. <i>ROR de un colimador de agujeros paralelos</i>	86
Figura 4.26. <i>ROR de un colimador pinhole</i>	86
Figura 4.27. <i>Obtención del FOV para el caso de colimador pinhole</i>	86
Figura 4.28. <i>Cálculo de la longitud de adquisición</i>	89
Figura 4.29. <i>Primera pantalla de adquisición para el caso de un estudio de cuerpo entero dinámico de ratón</i>	90
Figura 4.30. <i>Flujo de funcionamiento de la interfaz de usuario tras pulsar el botón Proceed</i>	91
Figura 4.31. <i>Generación de la llamada al programa daq_SPECT desde la interfaz de adquisición</i>	93
Figura 4.32. <i>Acciones realizadas por la interfaz de usuario y el daq_SPECT tras pulsar el botón Proceed</i>	93
Figura 4.33. <i>Diagrama de estados de la interfaz de adquisición</i>	94
Figura 4.34. <i>Ventana mostrada al usuario en el estado 0 de la interfaz de adquisición</i>	95
Figura 4.35. <i>Distintas opciones de la interfaz de adquisición en el estado 2</i>	96
Figura 4.36. <i>Actualización de los parámetros propios de la adquisición</i>	98
Figura 4.37. <i>Interfaz de la aplicación FSPECT. Selección del botón CALIBRATION</i>	100
Figura 4.38. <i>Ventana de adquisición de calibración. Corrección uniformidad</i>	101
Figura 4.39. <i>Generación de la llamada al programa daq_SPECT desde la interfaz de adquisición. Corrección uniformidad</i>	102
Figura 4.40. <i>Estructura de directorios de la carpeta ACQ_CALIBRATIONX vacía</i>	103
Figura 4.41. <i>Ventana de adquisición de calibración. Corrección geometría pinhole</i>	104
Figura 4.42. <i>Ejemplo de construcción de un sinograma. Las proyecciones en este caso son de 7x7 y han sido adquiridas en un barrido de 360° con pasos de 3 grados</i>	108
Figura 4.43. <i>Esquema general de la aplicación para obtener la imagen reconstruida</i>	109
Figura 4.44. <i>Diagrama de flujo del procedimiento encargado de reconstruir la imagen utilizando el algoritmo 2D FBP</i>	110
Figura 4.45. <i>Diagrama de flujo del procedimiento encargado de reconstruir la imagen utilizando el algoritmo 2D OSEM</i>	111
Figura 4.46. <i>Diagrama de flujo del procedimiento encargado de reconstruir la imagen utilizando el algoritmo 3D OSEM</i>	114
Figura 4.47. <i>Diagrama de flujo utilizado para obtener la imagen reconstruida filtrada</i>	117
Figura 4.48. <i>Diagrama de flujo de la interfaz de reconstrucción de imágenes</i>	121
Figura 4.49. <i>Interfaz de inicio de la aplicación FSPECT. Selección del botón RECONSTRUCTION</i>	121

Figura 4.50. Ventana inicial de la interfaz de reconstrucción del tomógrafo FSPECT.....	122
Figura 4.51. Mensaje informativo para generar el histograma de energía de ambos detectores.....	123
Figura 4.52. Ejemplo de histograma de energía obtenido para los 2 detectores partiendo de archivos lista generados con un antiguo prototipo SPECT.....	124
Figura 4.53. Obtención de los canales de energía máximo y mínimo para el caso del Tecnecio-99m, siendo la ventana de energía del 20%.....	125
Figura 4.54. Selección de los botones Head1, Head2 y Total.....	125
Figura 4.55. Utilización de las barras de desplazamiento Min(keV) y Max(keV) de la ventana de reconstrucción.....	126
Figura 4.56. Barra de desplazamiento mostrada al usuario mientras se están generando las proyecciones corregidas.....	127
Figura 4.57. Ventana de reconstrucción del tomógrafo FSPECT para el caso de datos adquiridos con colimador de agujeros paralelos.....	127
Figura 4.58. Maniquí de calibración reconstruido con la aplicación, usando 2D FBP.....	129
Figura 4.59. Maniquí filtrado utilizando Butterworth (orden 10, frecuencia de corte 0.50) sobre la imagen reconstruida con 2D FBP.....	130
Figura 4.60. Selección del algoritmo de reconstrucción 2D OSEM y parámetros.....	131
Figura 4.61. Ventana de reconstrucción del tomógrafo FSPECT para el caso de datos adquiridos con colimador pinhole.....	131
Figura 5.1. Validación de la interfaz de adquisición de datos.....	134
Figura 5.2. Validación de la interfaz de reconstrucción de imágenes.....	134
Figura 5.3. QC-NEMA-PHANTOM.....	135
Figura 5.4. Histograma de energía obtenido para ambos detectores del tomógrafo FSPECT.....	135
Figura 5.5. Esquema de reconstrucción de varias camas con la aplicación desarrollada.....	137
Figura 5.6. Obtención de la imagen de cuerpo entero a partir de las imágenes reconstruidas para cada una de las camas del estudio.....	138
Figura 5.7. Reconstrucción preliminar de un estudio óseo de ratón, usando el algoritmo 3D OSEM. Vista sagital.....	141

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 2.1. <i>Relación de isótopos utilizados para SPECT y su uso clínico.....</i>	11
Tabla 2.2. <i>Diferencias entre SPECT en humanos y SPECT para animales de laboratorio.....</i>	37
Tabla 3.1. <i>Tipos de estudio implementados en el sistema de adquisición.....</i>	46
Tabla 3.2. <i>Parámetros del programa de adquisición.....</i>	48
Tabla 3.3. <i>Árbol de directorios para la adquisición de datos.....</i>	50
Tabla 4.1. <i>Valores obtenidos tras ejecutar el comando “ps -C daq_SPECT_only” en el PC de control.....</i>	69
Tabla 4.2. <i>Comparación de los ficheros acq_info.log y conn.tmp.....</i>	70
Tabla 4.3. <i>Comandos FTP utilizados y su significado.....</i>	72
Tabla 4.4. <i>Información obtenida sobre los procesos que contienen el patrón daq_SPECT ejecutados en el PC de control.....</i>	78
Tabla 4.5. <i>Obtención del lado a por trigonometría.....</i>	87
Tabla 4.6. <i>ROR preestablecidos en función de la combinación cama-colimador instalados en el tomógrafo.....</i>	88
Tabla 4.7. <i>FOV obtenido en función del ROR elegido por el usuario, para el caso de colimador pinhole.....</i>	88
Tabla 4.8. <i>Mensajes informativos y botones habilitados en cada estado de la interfaz de adquisición.....</i>	99
Tabla 4.9. <i>Parámetros de entrada del programa CreaMatriz2D64.exe.....</i>	112
Tabla 4.10. <i>Parámetros de entrada del programa osem_2D_paralelo64.exe.....</i>	113
Tabla 4.11. <i>Parámetros de entrada del programa OSEMPinhole3D_32bits.exe.....</i>	115
Tabla 4.12. <i>Filtros utilizados en la aplicación de reconstrucción.....</i>	117
Tabla 4.13. <i>Propiedades destacadas del objeto Imagen.....</i>	119
Tabla 4.14. <i>Algoritmo de reconstrucción en función del tipo de colimador instalado en los detectores durante la adquisición de datos.....</i>	128
Tabla 7.1. <i>Fases del Proyecto y tiempo empleado.....</i>	148
Tabla 7.2. <i>Importe del material empleado.....</i>	149
Tabla 7.3. <i>Presupuesto final del proyecto.....</i>	149

CAPÍTULO 1

1. INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

1.1. INTRODUCCIÓN

La **Tomografía Computarizada por Emisión de Fotón Único** (“Single Photon Emission Computed Tomography”, *SPECT*) es una modalidad de imagen perteneciente al campo de la *Medicina Nuclear*. Con esta técnica de renovado interés se pueden realizar estudios de múltiples fenómenos biológicos y bioquímicos en los cuales se basa el metabolismo y el funcionamiento de los diferentes órganos y tejidos.

La modalidad de imagen SPECT consiste en la administración al paciente de un trazador obtenido a partir de moléculas marcadas con un cierto isótopo radiactivo emisor de rayos gamma, normalmente por vía intravenosa. Tras el paso de un intervalo temporal denominado tiempo de captación en el que el trazador se distribuye por el organismo, se procede a detectar los rayos gamma emitidos utilizando *gamma cámaras*. Durante el proceso de detección, se adquieren imágenes bidimensionales (denominadas *proyecciones*) en diferentes posiciones angulares alrededor del sujeto bajo estudio (Figura 1.1).

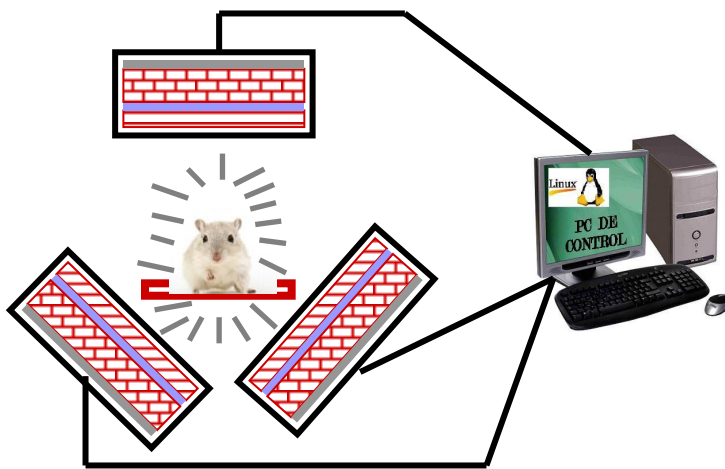


Figura 1.1. Obtención de proyecciones en distintas posiciones angulares.

A partir de estas proyecciones y tras un proceso de corrección adecuado, se utilizan técnicas de reconstrucción tomográficas, basadas en métodos analíticos o iterativos, para generar imágenes tridimensionales que representan la distribución del compuesto inyectado en el organismo[1].

Debido a su carácter funcional, la modalidad de imagen SPECT es aplicable no sólo al estudio de funciones biológicas, sino también al desarrollo de nuevos fármacos y a la investigación biológica básica, siendo éstas las razones principales para la aplicación de esta técnica en animales de laboratorio[2]. En la actualidad, se utilizan fundamentalmente roedores en investigación biomédica debido a su coste, su rápida reproducción y la posibilidad de obtener modelos de enfermedades humanas. En la Figura 1.2 se muestra un estudio óseo de rata, a la cual se le inyectó un trazador específico para hueso y articulaciones. Las zonas más brillantes corresponden con las de mayor captación, en este caso, huesos y articulaciones. También la vejiga presenta captación porque es por donde se elimina el trazador.

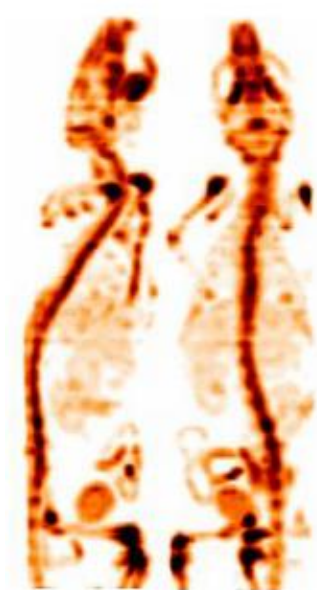


Figura 1.2. Visualización 3D de un estudio óseo de rata[3].

Las imágenes SPECT ofrecen información funcional que, en ocasiones, es difícil de interpretar debido a la falta de correlación con las estructuras anatómicas o puntos de referencia biológicos. Su integración o fusión con imágenes anatómicas obtenidas con la técnica **Tomografía Computarizada** (“Computerized Tomography”, *CT*) permite la localización exacta de las zonas de captación. La imagen multimodal *SPECT/CT* (Figura 1.3) se ha convertido en un estándar clínico y preclínico en sistemas de imagen molecular[4].

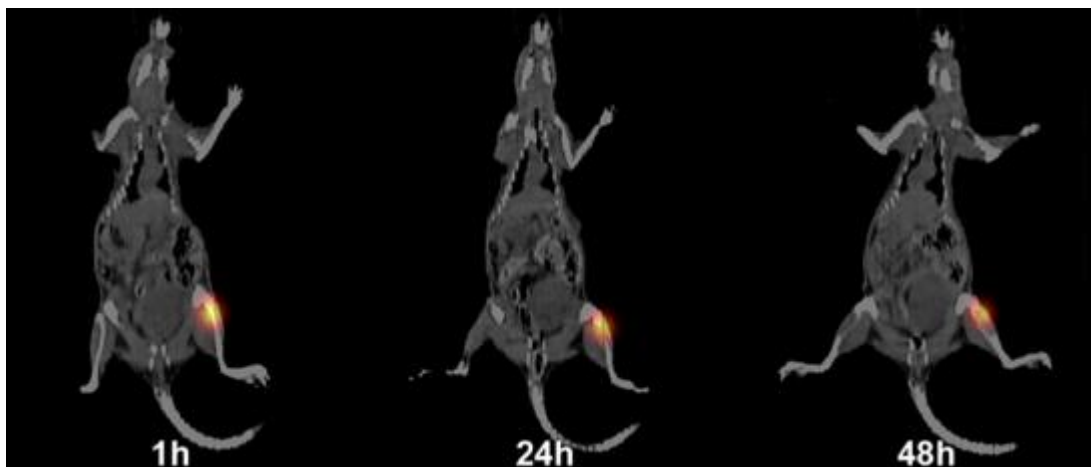


Figura 1.3. Imágenes CT (en escala de grises) y SPECT (en escala de rojos) fusionadas. La imagen muestra la vista coronal de una rata a 1, 24 y 48 horas tras la implantación de células mesenquimales humanas marcadas con ^{111}In -oxina en la tibia izquierda[5].

1.2. OBJETIVOS

Actualmente existen diversos sistemas SPECT comerciales para animales de laboratorio[6] con grandes posibilidades para la investigación traslacional. Sin embargo, su coste es elevado y sus características exceden los requerimientos básicos para la realización de la mayoría de los protocolos utilizados en investigación.

El nuevo escáner *FSPECT* para animales de laboratorio, que se está desarrollando en la actualidad en el Laboratorio de Imagen Médica de la Unidad de Medicina y Cirugía Experimental del Hospital General Universitario Gregorio Marañón (**HGUGM**), es un sistema versátil, de bajo coste y rendimiento adecuado para la realización de estudios SPECT con animales de laboratorio. Su interfaz de usuario está basada en opciones de línea de comandos (entorno LINUX, equipo integrado en el escáner -PC de control-) y no es adecuada para un usuario no experto en un entorno preclínico.

El objetivo de este trabajo es el desarrollo y validación de una interfaz de usuario robusta que facilite la interacción con los módulos de adquisición de datos y reconstrucción de imágenes tridimensionales del escáner FSPECT, abstrayendo al usuario de la complejidad del sistema. Dicha interfaz se ejecutará en un equipo de usuario (entorno Windows, PC del usuario) que se facilitará junto con el escáner.

Por tanto, los objetivos básicos planteados a la hora de realizar este proyecto son los siguientes:

- Desarrollo de una interfaz de adquisición que permita al usuario configurar los parámetros del estudio SPECT, interaccionar con el programa encargado de realizar dicha adquisición y recuperar los ficheros generados tras la misma.
- Desarrollo de una interfaz de reconstrucción de imágenes SPECT que permita procesar los ficheros generados en la adquisición para obtener la imagen tridimensional correspondiente al estudio adquirido.
- Ambas interfaces deben ser fáciles de manejar, intuitivas y robustas frente a posibles errores.
- Validar el correcto funcionamiento de las interfaces desarrolladas.
- Incorporar la aplicación al equipo de usuario del nuevo tomógrafo FSPECT.

1.3. FASES DE DESARROLLO

Para llevar a cabo la realización de este trabajo se ha seguido la siguiente metodología de trabajo:

- Definición de los objetivos principales del proyecto.
- Toma de contacto con la técnica de imagen utilizada.
- Instalación de las herramientas necesarias para poder desarrollar la aplicación.
- Toma de contacto con el lenguaje de programación utilizado para implementar la aplicación.
- Estudio de la técnica de imagen en pequeño animal, elementos que forman el escáner, modos de adquisición, ...
- Diseño e implementación de la interfaz gráfica de adquisición.
- Estudio del modo de funcionamiento del programa de adquisición de datos desarrollado para el escáner FSPECT.
- Comunicación entre la interfaz de adquisición (ejecutado en un equipo local) y el programa de adquisición (ejecutado en un equipo remoto).
- Transferencia de archivos.
- Evaluación de la interfaz de adquisición.
- Desarrollo del manual de la interfaz de adquisición.
- Estudio del procesado de los datos y reconstrucción de imagen tomográfica en la técnica SPECT.
- Diseño e implementación de la interfaz gráfica de reconstrucción.
- Estudio de los algoritmos de reconstrucción proporcionados por el Laboratorio de Imagen Médica y su incorporación en la interfaz desarrollada.
- Evaluación de la interfaz de reconstrucción.
- Desarrollo del manual de la interfaz de reconstrucción.
- Exposición de las conclusiones y planteamiento de posibles mejoras y líneas de trabajo futuras.
- Elaboración de la memoria.

1.4. ESTRUCTURA DE LA MEMORIA

El presente documento ha sido dividido en 9 capítulos de los que a continuación se muestra un breve resumen:

- *Capítulo 1:* Se exponen el marco contextual del proyecto y los objetivos que se van a llevar a cabo.
- *Capítulo 2:* Se da una visión general sobre la técnica SPECT explicando los términos más relevantes a tener en cuenta a la hora de afrontar este desarrollo.
- *Capítulo 3:* Se enumeran los módulos que forman el tomógrafo y las características del software de adquisición y control que son necesarias conocer para poder implementar la interfaz de adquisición.
- *Capítulo 4:* Se explica cómo se ha llevado a cabo el desarrollo de los objetivos planteados anteriormente y cuáles son los detalles de implementación específicos de los diferentes programas realizados.
- *Capítulo 5:* Se especifica cómo se ha validado la interfaz de usuario desarrollado.
- *Capítulo 6:* Se redactan las conclusiones y líneas futuras de este trabajo.
- *Capítulo 7:* Se presenta el presupuesto orientativo que supone la realización de este proyecto.
- *Capítulo 8:* Se recogen la lista de acrónimos empleadas a lo largo del trabajo en este documento.
- *Capítulo 9:* Se muestran las referencias bibliográficas consultadas a lo largo del desarrollo del proyecto.

CAPÍTULO 2

Este capítulo se centra en la definición de conceptos básicos relacionados con la Medicina Nuclear en general y la técnica SPECT en particular. En este apartado se explican algunos conceptos de la técnica, relacionados con la adquisición de datos, la reconstrucción tomográfica y las correcciones necesarias para la obtención de imágenes libres de artefactos. El último apartado del capítulo se centra en aplicaciones de la SPECT con pequeños animales.

2. INTRODUCCIÓN A LA TÉCNICA SPECT

2.1. INTRODUCCIÓN A LA IMAGEN NUCLEAR

La *Medicina Nuclear* es la especialidad médica que utiliza para la prevención, diagnóstico, terapéutica e investigación médica, imágenes obtenidas mediante la administración de sustancias radiactivas, que se incorporan a las rutas metabólicas del organismo. Estas técnicas de imagen son intrínsecamente moleculares, y su uso clínico en la actualidad está ampliamente extendido y aceptado.

El fundamento de la Medicina Nuclear radica en marcar con algún isótopo radiactivo determinadas moléculas cuyo comportamiento biológico pretendemos trazar, de modo que su ubicación pueda ser determinada localizando la radiación emitida, mediante detectores externos. Estas sustancias se denominan radiofármacos o *trazadores*, ya que permiten seguir el paso de los mismos por el organismo.

Definimos *radioisótopo* (también denominado radionúclido) como cualquier átomo inestable que sufre desintegración nuclear, emitiendo energía en forma de diferentes tipos de radiación.

En Medicina Nuclear diagnóstica se usan principalmente dos tipos de radioisótopos, que dan lugar a dos tecnologías de imagen diferentes: **emisores de radiación gamma** y **emisores de positrones**.

Los radioisótopos emisores de radiación gamma sufren una desintegración nuclear que da lugar a la liberación de fotones de alta energía (radiación gamma), mientras que los radioisótopos emisores de positrones se desintegran emitiendo un positrón, que al encontrarse con un electrón se aniquilan emitiendo dos fotones de 512 keV que viajan en sentidos opuestos.

El contraste de las imágenes de Medicina Nuclear representa la concentración alcanzada por el trazador en los diferentes órganos y sistemas, es decir, las imágenes obtenidas son un mapa de la distribución de dicho trazador en el organismo.

Existen básicamente tres variantes de imagen nuclear: la **imagen planar** (gammagrafía), la **Tomografía Computarizada por Emisión de Fotón Único (SPECT)** y la **Tomografía de Emisión de Positrones (PET)**[7].

2.2. LA TÉCNICA SPECT

La **Tomografía Computarizada por Emisión de Fotón Único (SPECT)** es una modalidad de diagnóstico por imagen nuclear, usada actualmente con fines clínicos en oncología, cardiología y neurología principalmente. Se trata de una técnica no invasiva, mediante la cual se obtiene imagen funcional 3D de determinadas estructuras biológicas.

Para obtener dicha imagen, en primer lugar habrá que administrar al paciente un compuesto biológicamente activo conocido como radiofármaco o trazador que se obtiene a partir de moléculas marcadas con algún isótopo radiactivo emisor de rayos gamma, normalmente por vía intravenosa o inhalatoria.

Tras la asimilación del compuesto por el organismo, que se realiza independientemente de su carácter radiactivo, se detecta la distribución del compuesto mediante un detector de radiación gamma (gamma cámara) en diferentes posiciones angulares a lo largo de una órbita circular alrededor del paciente. Por tanto, se obtienen múltiples imágenes 2D o proyecciones, una para cada posición angular.

Tras un proceso de reconstrucción, a partir de estas imágenes 2D y su posición angular, podremos generar imágenes 3D de la distribución del radioisótopo en el paciente. En la Figura 2.1, se pueden observar cortes según los planos axial, coronal y sagital de una imagen SPECT cerebral. Los colores en la imagen representan diferentes niveles de captación del trazador (colores más calientes equivalen a mayor captación).

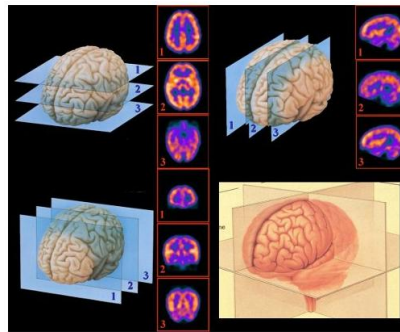


Figura 2.1. Cortes según los planos axial, coronal y sagital de un volumen 3D obtenido a partir de un estudio SPECT cerebral[8].

Las imágenes obtenidas con la SPECT, permiten la observación in vivo de múltiples fenómenos biológicos y bioquímicos en los cuales se basa el metabolismo y funcionamiento de los diferentes órganos y tejidos.

2.3. ISÓTOPOS UTILIZADOS EN SPECT

De los diferentes isótopos utilizados en Medicina Nuclear, para esta técnica son interesantes los que decaen mediante la emisión directa de radiación gamma.

El tipo de radiación y/o las partículas que emite cada isótopo dependen de cada núcleo en particular. De los diferentes modos de decaimiento que emiten radiación gamma evitaremos aquéllos que emitan, además, otras partículas como β^- , que no serían detectadas por el detector, y que al tener una capacidad de penetración de unos pocos milímetros en tejido blando, aumentaría la dosis recibida por el paciente.

Los modos de decaimiento más interesantes en nuestro caso son los siguientes:

- *Transición isomérica (IT)*: Se trata de un decaimiento que tiene lugar en un átomo donde el núcleo se encuentra en un estado metaestable (por ejemplo, tras la emisión de una partícula alfa o beta). La energía extra en el núcleo se libera mediante la emisión de un rayo γ , devolviendo al núcleo a su estado estable. El término isomérico proviene del hecho de que en todo el proceso no hay cambio en el número atómico del átomo.
- *Captura de electrón (EC) y posterior emisión de radiación γ* : El decaimiento por captura de electrón se produce cuando un electrón orbital es “capturado” por el núcleo y se combina con un protón para formar un neutrón. Se emite un neutrino con parte de la energía de transición y el resto de la energía aparece en forma de rayos X o electrones Auger.
Normalmente el núcleo resultante se encuentra en un estado metaestable o excitado, por lo que emitirá rayos γ posteriormente.

Otro factor importante a tener en cuenta es la *vida media* de los isótopos empleados. La vida media de los radionúclidos utilizados debe estar en el rango de minutos a horas para aplicaciones clínicas. Si la vida media es demasiado corta es muy problemático el preparar el radiofármaco e inyectarlo al paciente, mientras que si es demasiado larga, el paciente deberá permanecer aislado cierto tiempo tras la realización del estudio.

En la Tabla 2.1 podemos ver una relación de los isótopos más utilizados actualmente para SPECT, acompañados de los siguientes parámetros característicos:

- *Emisión de energía típica*: Se refiere a la energía del fotón gamma emitido al producirse el decaimiento del núcleo. Este valor energético es característico de cada átomo radiactivo y se denomina pico de emisión fundamental o **fotopico**.
- *Vida media*: Describe la rapidez con la que se produce el decaimiento de una muestra radiactiva.
- *Modo de decaimiento*: Describe el proceso seguido por el núcleo en su paso a un estado de menor energía.
- *Estudios gammagráficos más comunes*: Aplicaciones clínicas de cada uno de cada uno de los isótopos.

- *Radiofármaco*: Fármacos con los que suele asociarse el isótopo como trazadores para los estudios más comunes.

RADIO-ISÓTOPO	EMISIÓN ENERGÍA (KeV)	VIDA MEDIA (HRS)	MODO DECAIMIENTO	ESTUDIOS MÁS COMUNES	RADIOFÁRMACO
⁶⁷ Ga	39	78	EC, γ	Diagnóstico de tejidos tumorales e infecciones.	⁶⁷ Ga-citrato
²⁰¹ Tl	30-140	73	EC, γ	Estudios de corazón.	²⁰¹ Tl (en forma de cloruro de Talio)
¹²³ I	159	13	EC, γ	Dolencias de tiroides, cáncer, patologías neurodegenerativas.	¹²³ I yoduro sódico. Yodometil-19-norcolesterol.
^{99m} Tc	140	6	IT	Riñón, cerebro. Angiografías con radionúclidos. Pulmón. Huesos. Hígado, función biliar. Función renal. Perfusión cerebral. Perfusión cardiaca. Estudio de lesión cardiaca.	^{99m} Tc-pretecnetato sódico. DTPA (Sn)-Tc. Seroalbúmina humana con Tc. Microesferas de Tc (albúmina humana). Polifosfonatos, disfosfonatos o pirofosfatos de Tc. HIDA. MAG 3. HMPAO.
¹¹¹ In	171-245	67	EC, γ	Estudio de las células tumorales.	Octeotrido de ¹¹¹ In.

Tabla 2.1. *Relación de isótopos utilizados para SPECT y su uso clínico[7].*

De todos los isótopos descritos en la tabla anterior destaca el uso del ^{99m}Tc en un 80% de los casos, debido a su gran versatilidad y relativa facilidad de producción.

2.4. FUNDAMENTOS FÍSICOS DE LA MEDICINA NUCLEAR

2.4.1. PROCESOS DE DESINTEGRACIÓN RADIOACTIVA

En el decaimiento radiactivo, un núcleo inicialmente excitado (inestable) denominado padre emite energía en forma de fotones o partículas elementales convirtiéndose en un núcleo denominado hijo, que puede ser el mismo núcleo en un estado de energía más bajo, como es el caso del decaimiento γ , o un núcleo completamente nuevo como ocurre en los decaimientos α o β . Todos los decaimientos nucleares siguen la misma ley (Expresión 2.1) sin importar qué tipo de partículas sean emitidas. Si inicialmente hay N_0 núcleos padres inestables, el número N de padres que quedan después de un tiempo t es:

$$N = N_0 e^{-\lambda t} \quad (2.1)$$

La constante λ se denomina *constante de decaimiento* o constante de desintegración y depende del proceso particular de decaimiento.

Se define el periodo de semidesintegración ($t_{1/2}$), como el lapso temporal necesario para que se desintegren la mitad de los núcleos de una muestra de sustancia radiactiva. Se toma como referencia la mitad de ellos debido al carácter aleatorio de la desintegración nuclear.

La relación entre la constante de decaimiento de un determinado núcleo y su periodo de semidesintegración viene dada por la Expresión 2.2:

$$t_{1/2} = \ln 2 / \lambda \quad (2.2)$$

Por otra parte, la *actividad* de una fuente radiactiva, depende del número de átomos que se estén desintegrando por unidad de tiempo. La unidad básica para medida de actividad ha sido el *curio* (Ci), definido como 3.7×10^{10} desintegraciones por segundo, aunque a menudo se usa su equivalente en el sistema internacional el *becquerelio* (Bq) definido como 1 desintegración por segundo. En cuanto a la *energía de la radiación*, la unidad de medida tradicional es el *electronvoltio* (eV), definida como la energía cinética que adquiere un electrón mediante su aceleración con una diferencia de potencial de 1 V. Por otra parte, la unidad de medida de energía del sistema internacional es el *julio* (J) que está relacionada con el eV según la Expresión 2.3:

$$1 \text{ eV} = 1.602 \times 10^{-19} \text{ J} \quad (2.3)$$

Para la técnica SPECT, destacamos el proceso de **decaimiento γ** , que consiste en la emisión de energía por parte de un núcleo con exceso de energía (en un estado excitado) en forma de radiación γ . En este proceso, ni el número de masa (A en la Expresión 2.4) ni el número atómico (Z en la Expresión 2.4) cambian cuando el núcleo emite un rayo γ . X^* representa un núcleo en un estado excitado:

$${}^A_Z X^* = {}^A_Z X + \gamma \quad (2.4)$$

2.4.2. INTERACCIONES ENTRE LOS RAYOS GAMMA Y LA MATERIA

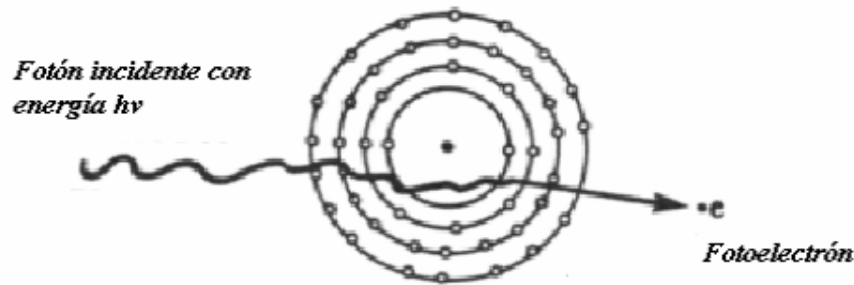
A continuación describimos qué es lo que ocurre cuando los fotones considerados individualmente penetran en un medio material. Destacamos estos procesos de interacción:

1. **Absorción fotoeléctrica:** se trata de un mecanismo por el cual un fotón gamma desaparece al ceder a un átomo de la materia con la que interacciona toda su energía. La energía absorbida por el átomo se libera mediante la eyección de un electrón orbital que se denomina fotoelectrón (Figura 2.2). La energía cinética con la que sale despedido este fotoelectrón viene dada por la Expresión 2.5:

$$E_e^- = E_\gamma - E_b \quad (2.5)$$

Donde: E_γ es la energía del fotón incidente y E_b es la energía inicial del electrón a partir del cual se generó el fotoelectrón.

Esta interacción se produce entre el fotón y el átomo en conjunto, no dándose con electrones libres.



Absorción Fotoeléctrica

Figura 2.2. Esquema de la absorción fotoeléctrica, de un fotón por parte de un átomo.

Este proceso es el modo de interacción predominante de los rayos gamma de energía relativamente baja (pocos cientos de keV).

2. **Dispersión Compton:** Este proceso de interacción tiene lugar entre un rayo gamma incidente y un electrón de un orbital externo del átomo con el que interacciona. En la dispersión Compton, la energía del fotón incidente será mayor que la energía necesaria para liberar el electrón del orbital. El fotón incidente transfiere parte de su energía al electrón, que será liberado del orbital en el que se encuentra y es desviado un ángulo θ con respecto a su dirección original (Figura 2.3). La energía transferida en el choque, dependerá del ángulo con que es desviado el fotón, pudiendo ésta variar desde cero hasta gran parte de la energía del fotón incidente.

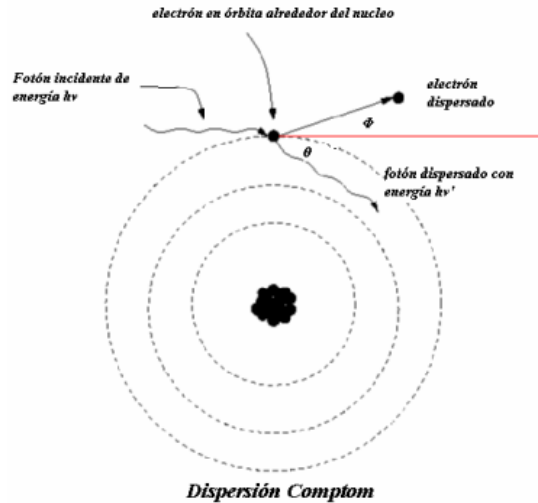


Figura 2.3. Esquema de la dispersión Compton.

La energía del fotón gamma incidente es parcialmente absorbida por el átomo, que como consecuencia expulsará un electrón y dispersará el fotón.

Este es el proceso de interacción más común en el rango de energía de los rayos gamma obtenidos a partir de radioisótopos.

2.4.3. LEY DE ATENUACIÓN PARA FOTONES

Al interaccionar reiteradas veces con un medio material y suponiendo que usamos un haz de fotones con la misma energía, este haz va cediendo energía a medida que se propaga a través del medio material y se va produciendo una atenuación progresiva del haz de radiación (Figura 2.4). Se puede comprobar experimentalmente que el número de fotones N existentes después de que un haz de N_0 fotones incida sobre un espesor x de material sigue una ley de decaimiento exponencial definida por la Expresión 2.6:

$$N = N_0 e^{-\mu x} \quad (2.6)$$

Donde μ es el coeficiente de atenuación lineal y tiene unidades de cm^{-1} . Este parámetro es característico de cada material y a su vez función de la energía de los rayos considerados.

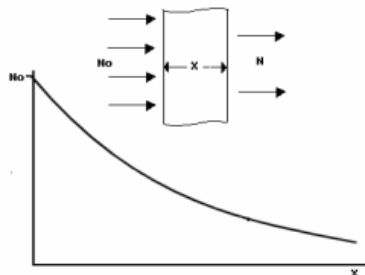


Figura 2.4. Atenuación de un haz de fotones al atravesar un medio material de longitud x .

2.5. LA GAMMA CÁMARA

Es el detector más ampliamente utilizado en Medicina Nuclear para aplicaciones clínicas.

A continuación mostramos los componentes básicos de una gamma cámara estándar (Figura 2.5), que permiten la formación de la imagen de distribución del compuesto emisor de rayos gamma. Estos componentes son: un colimador, uno o varios cristales centelleadores, los tubos fotomultiplicadores y electrónica asociada para el correcto acondicionamiento de las señales de salida. A continuación pasamos a describir cada uno de estos elementos[7]:

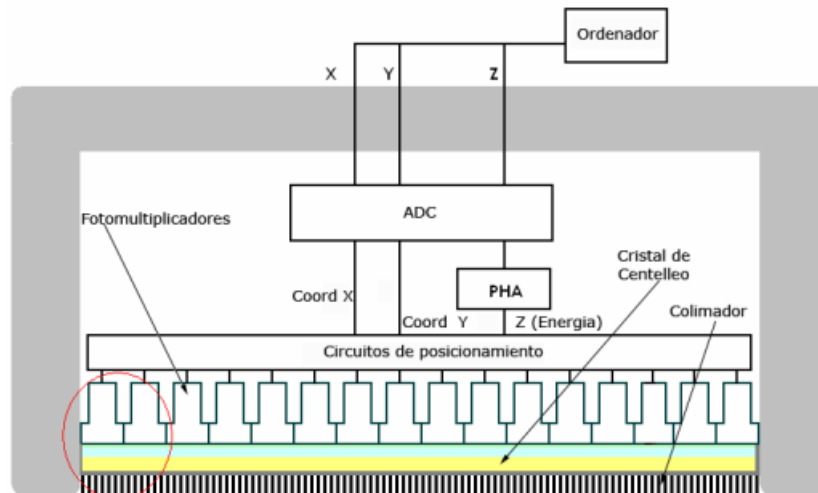


Figura 2.5. Componentes básicos de una gamma cámara.

- ***El colimador:***

Se usa para determinar la dirección de los rayos gamma detectados.

Los rayos gamma no pueden ser enfocados, por tanto, los sistemas de generación de imagen con rayos gamma emplean el principio de colimación absorbente para formar la imagen.

Un colimador absorbente proyecta una imagen de la distribución fuente en el detector, permitiendo que sólo aquellos rayos gamma que viajan en una determinada dirección (dependiendo de la geometría del colimador), alcancen el detector.

Esta técnica de proyección por absorción es un método inherentemente ineficiente usando radiación, ya que la mayoría de la radiación potencialmente útil es absorbida por el colimador.

Se usan cuatro tipos básicos de colimadores en la gamma cámara: *pinhole*, *paralelo*, *divergentes* y *convergentes*. A continuación, se explica detalladamente cada uno de ellos.

- Un *colimador pinhole* (Figura 2.6) consiste en una pieza cónica de plomo, tungsteno, platino, u otro metal pesado absorbente, con una pequeña apertura. Dicha apertura, se localiza al final del cono, a una distancia del detector que determinará el campo de visión (*FOV*) del mismo. El tamaño del agujero suele ser de unos pocos milímetros.

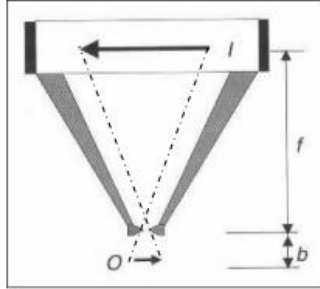


Figura 2.6. Colimador pinhole.

El principio de generación de imagen de un colimador pinhole es que los rayos gamma que pasan a través de la apertura proyectan una imagen invertida de la distribución de la fuente sobre el cristal detector.

La imagen es magnificada cuando la distancia b , entre la fuente y la apertura, es menor que la longitud f , del cono del colimador.

El tamaño de la imagen I y el del objeto O (fuente) están relacionados siguiendo la Expresión 2.7:

$$I/O = f/b \quad (2.7)$$

El tamaño del área de la imagen también cambia con la distancia a la apertura del colimador. Si el diámetro del detector es D y el factor de magnificación es I/O , el diámetro del área de la imagen proyectada D' , es:

$$D' = D / I/O \quad (2.8)$$

Por lo tanto, un factor de magnificación elevado, obtenido situando la fuente cerca del colimador, consigue que el área cubierta por la imagen sea pequeña. Sin embargo, si alejamos la fuente, aumentaremos b y la magnificación será menor pero el área cubierta será mayor.

Los colimadores pinhole se utilizan principalmente para la obtención de imágenes magnificadas de pequeños órganos y para estudios con animales pequeños. Son los que mayor resolución espacial permiten alcanzar. Por el contrario, es el menos sensible.

- El *colimador multi-pinhole*, está formado por una matriz de colimadores pinhole. Este tipo de tomografía se utiliza poco actualmente en clínica, pero está adquiriendo gran relevancia en aplicaciones de imagen con pequeños animales[9, 10]. Su principal ventaja es que mejora la sensibilidad aunque dificulta la reconstrucción y el diseño de la cámara.
- El *colimador agujeros paralelos* (Figura 2.7) es el más utilizado en aplicaciones clínicas para humanos. Las aperturas paralelas se realizan taladrando el material base, mediante moldes o dando forma a papel de plomo. A las paredes del colimador que separan las aperturas se les denomina *septa*. La anchura de estas paredes debe ser suficiente para evitar que los rayos γ de la energía para la que se diseñó el colimador crucen de un agujero al siguiente.

El colimador agujeros paralelos asegura que sólo los rayos gamma cuya dirección sea perpendicular a la superficie del cristal centellador alcanzan el detector. Éste proyecta una imagen del mismo tamaño que la fuente sobre el detector.

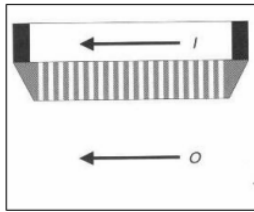


Figura 2.7. Colimador de agujeros paralelos.

- Un *colimador divergente* (Figura 2.8) tiene aperturas que divergen desde la superficie del detector. Las aperturas divergen desde un punto a cierta distancia por detrás del colimador, proyectando una imagen de la fuente, minimizada y no invertida, sobre el detector. El grado de minimización depende de la distancia f desde la parte frontal del colimador al punto de convergencia, la distancia b desde la parte frontal del colimador al objeto y el grosor del colimador t .

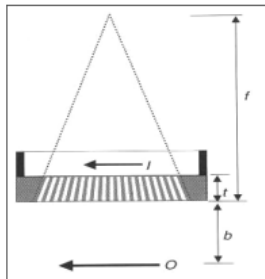


Figura 2.8. Colimador divergente.

Como en el caso anterior, I y O son el tamaño de la imagen y del objeto respectivamente en la Expresión 2.9:

$$I/O = (f - t)/(f + b) \quad (2.9)$$

El colimador divergente reduce el tamaño de la imagen en el detector, incrementando así el área de imagen en comparación con el colimador agujeros paralelos. Como el tamaño de la imagen varía con la distancia, este colimador presenta una cierta cantidad de distorsión en la imagen. Son utilizados principalmente en cámaras con detectores pequeños para permitir obtener una imagen de órganos de mayor tamaño que el detector.

- Un *colimador convergente* (Figura 2.9) tiene aperturas que convergen a un punto a cierta distancia por delante del colimador. Para objetos situados entre la cara del colimador y el punto de convergencia, el colimador convergente proyecta una imagen de la fuente magnificada, no invertida, sobre el detector.

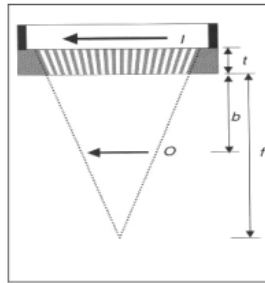


Figura 2.9. Colimador convergente.

El tamaño de la imagen I y el del objeto O están relacionados de acuerdo con la Expresión 2.10:

$$I/O = (f + t)/(f + t - b) \quad (2.10)$$

Donde f es la distancia de la superficie del colimador al punto de convergencia, b es la distancia de la superficie del colimador al objeto, y t es el grosor del colimador.

De nuevo, como la magnificación depende de la distancia, se introduce algo de distorsión en la imagen. Los colimadores convergentes se utilizan principalmente con cámaras con área de detector grande, para permitir la utilización completa de dicha área cuando obtenemos imágenes de órganos pequeños.

Los colimadores convergentes proyectan una imagen magnificada e invertida, cuando el objeto está situado entre el punto de convergencia y dos veces la longitud de convergencia del colimador, y minimizada e invertida por debajo de esta distancia.

- ***Detectores de radiación gamma:***

En general es un elemento capaz de transformar la energía de los fotones que impactan en él en alguna magnitud física medible.

Los *detectores de centelleo* son los más habituales y consisten en un cristal centellador acoplado ópticamente a la superficie de un *tubo fotomultiplicador* (PMT). El cristal de centelleo transformará los fotones gamma incidentes en fotones de luz visible y el PMT generará una señal eléctrica (pulsos de corriente eléctrica) en respuesta a la luz incidente (producida por el cristal de centelleo).

Para el caso de usarlos en equipos SPECT, estos detectores, además de detectar la radiación, son capaces de medir la energía de los rayos detectados y caracterizar el punto de interacción de dichos rayos sobre la superficie del detector con precisión.

En aparatos diseñados para animales de laboratorio, la resolución espacial es un parámetro muy importante. Por ello, se suelen utilizar *matrices de cristales centelladores* con elementos de pequeñas dimensiones con el objetivo de obtener la localización del punto de interacción de los fotones con la mayor exactitud posible.

En la Figura 2.10, se muestra el esquema de un detector de centelleo, a partir del cual se explicará su funcionamiento:

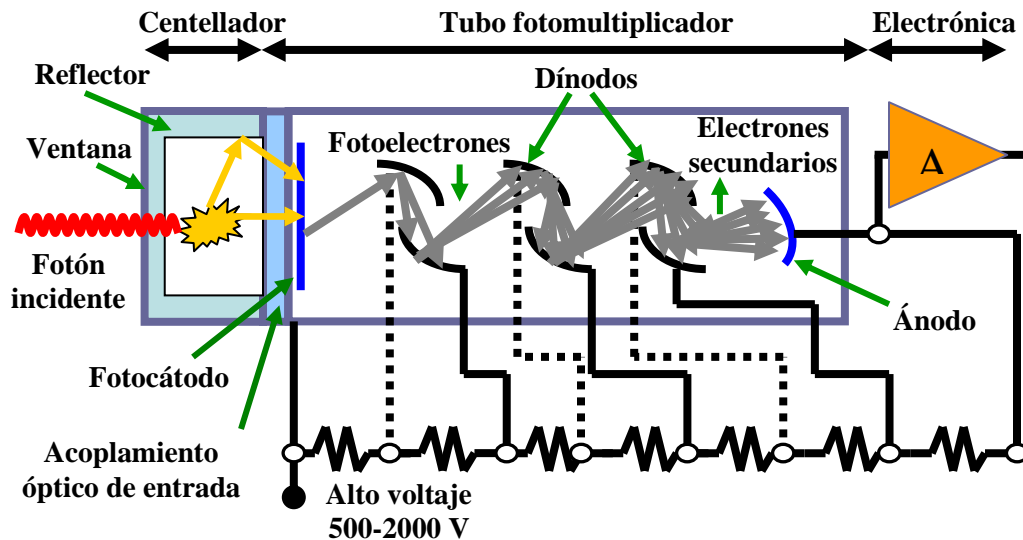


Figura 2.10. Esquema de un detector basado en centellador.

La parte frontal de este tipo de sensores (donde se acopla el cristal) se denomina *ventana* y su interior está cubierto por un *reflector* que permite confinar los fotones de luz generados cuando los fotones gamma interaccionan con el cristal.

La función del *fotocátodo* es convertir el flujo de luz incidente en un flujo de electrones. Dichos electrones reciben el nombre de *fotoelectrones*.

A poca distancia del fotocátodo tenemos una primera lámina de metal llamada *dínodo* (que se mantiene a un voltaje positivo entre 500 y 2000 V relativo al fotocátodo) y su funcionalidad es la de atraer los electrones arrancados del fotocátodo.

Para facilitar este proceso, el PMT contiene una “*óptica de entrada*” o rejilla de enfoque para dirigir el máximo número de electrones hacia el primer dínodo. Los dínodos están recubiertos con un material capaz de emitir electrones (emisiones secundarias) cuando un fotoelectrón golpea su superficie. El factor de multiplicación de electrones depende de la energía del fotoelectrón, que a su vez queda determinada por la diferencia de voltaje entre el fotocátodo y el dínodo. Los *electrones secundarios* eyectados por el dínodo son atraídos hacia un segundo dínodo que se mantiene a mayor potencial que el primero, repitiéndose de esta forma el proceso de multiplicación de electrones. Esto ocurre a través de varios dínodos (típicamente un PMT tiene entre 8 y 12 etapas) hasta que finalmente los electrones son recogidos en el *ánodo*.

Los dos fenómenos fundamentales que explican el funcionamiento de los fotomultiplicadores son la fotoemisión y la emisión de electrones secundarios.

La fotoemisión se debe a que una fracción de los fotones incidentes entregan toda su energía a electrones del fotocátodo, dando a alguno de ellos energía suficiente para escapar. Si el número de fotoelectrones que alcanzan el primer dínodo es n_k y la ganancia de este dínodo es g_1 , el número de electrones secundarios resultantes es $n_k g_1$. El proceso se repite de dínodo a dínodo hasta llegar al ánodo, donde se recoge el flujo de electrones de salida. Si N es el número de dínodos, el número de electrones a la salida vendrá dado por la Expresión 2.11:

$$n_a = n_k \prod_{i=1}^N g_i \quad (2.11)$$

La cantidad de corriente producida es proporcional a la intensidad de la señal lumínica detectada en el fotocátodo y, por tanto, también proporcional a la cantidad de energía depositada por el fotón en el cristal.

En la actualidad, existen *tubos fotomultiplicadores sensibles a posición* (PS-PMT) que en vez de disponer de un único ánodo a la salida, cuentan con varios ánodos en configuración matricial ($N \times N$ ánodos) en donde la carga generada es distribuida acorde a la posición de interacción del fotón.

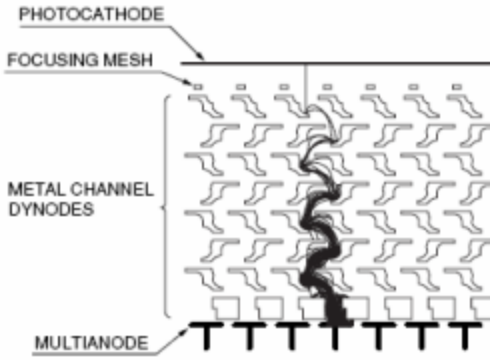


Figura 2.11. Estructura de dínodos utilizada en algunos fotomultiplicadores sensibles a posición y posibles trayectorias de los electrones.

En el caso ilustrado en la Figura 2.11, los dínodos se disponen en forma de malla, de forma que cuando el fotón de luz impacta en el fotocátodo, la multiplicación de electrones se realiza por un camino de la malla que conserva la posición donde se produjo el impacto. Por tanto, el ánodo que tendrá mayor nivel de carga será el más cercano a la posición en la que efectivamente impactó el fotón de luz en el fotocátodo; aunque los ánodos contiguos también presentarán cierto nivel de carga.

La distribución de la carga entre los diferentes ánodos será utilizada posteriormente para determinar la posición de interacción del evento detectado.

- **Circuitos de posicionamiento, conversor analógico-digital y ordenador.**

A partir de las señales eléctricas generadas por el proceso de detección y basándonos en la **lógica de Anger**[7] (que consiste en conectar los ánodos del fotodetector mediante resistencias para obtener cuatro señales de salida) y algún algoritmo de cálculo del **centro de masas** podremos obtener tanto la posición de recepción del fotón sobre la superficie del detector como la energía del mismo.

La información de energía será analizada mediante **circuitos analizadores de altura de pulso**[7] (PHA), encargados de discriminar los fotones que no alcanzan o sobrepasan una determinada amplitud (y así evitar posibles distorsiones en la imagen resultante).

A la salida de estos circuitos se genera la señal de entrada de circuitos conversores analógico-digital (ADC), encargados de codificar la información proporcionada por el detector sobre la posición de interacción y energía del evento detectado. La información digitalizada será procesada por un **ordenador** que permite obtener imágenes con información sobre la distribución posicional y energética del isótopo en cuestión.

2.6. RESOLUCIÓN DE ENERGÍA

La resolución de energía hace referencia a la precisión con la que es capaz de diferenciar un detector las diferentes energías de los fotones. Cuando los bloques detectores se exponen a fotones de la misma energía, la energía medida no es la generada por la interacción inicial sino la energía total depositada por el fotón en el detector. Esta distinción es importante ya que los fotones que interactúan inicialmente por dispersión Compton pueden estar implicados en otras interacciones en el detector. En un detector suficientemente grande, la mayoría de los fotones dispersados depositarán toda su energía y la mayoría de los eventos se registrarán en el pico de la energía total del fotón.

Según lo dicho, la distribución típica de energía que podría esperarse encontrar para los electrones implicados en interacciones con fotones de 140 keV es la mostrada en la Figura 2.12, en la que es posible diferenciar dos regiones correspondientes a fotones que interaccionaron mediante absorción fotoeléctrica o dispersión Compton.

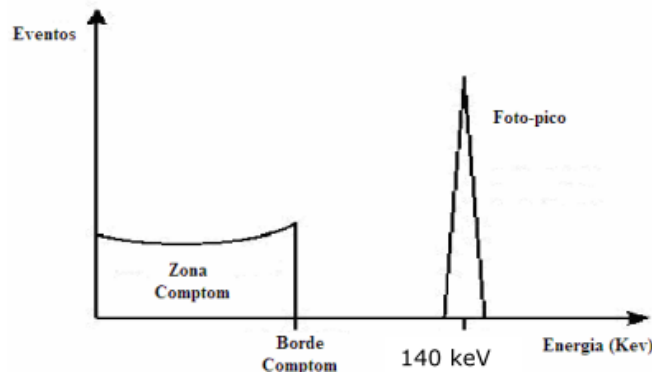


Figura 2.12. Distribución de energía típica ideal para un detector de radiación expuesto a fotones monoenergéticos de 140 keV.

En la realidad, la distribución de energía se distorsiona, dando lugar a espectros como el mostrado en la Figura 2.13:

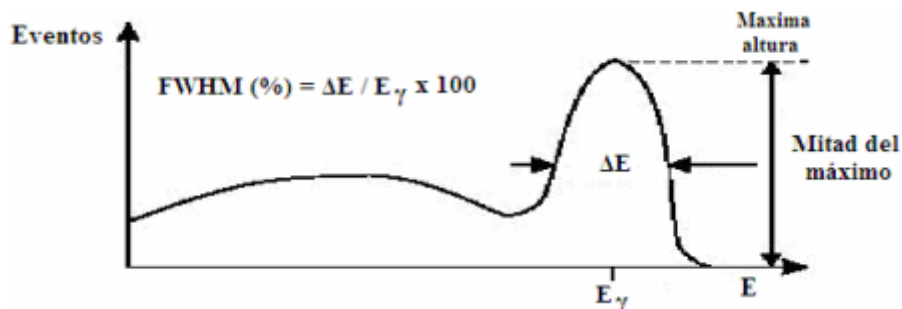


Figura 2.13. Distribución de energía real y ejemplo de cálculo de resolución de energía.

Esto se debe a tres factores fundamentales:

1. **Resolución de energía finita del sistema detector:** la resolución de energía del bloque detector se define como la relación de anchura a mitad del máximo (full-width at half maximum, *FWHM*) del pico de energía de interés, entre el valor de dicha energía.
2. **Radiación incidente no monoenergética pura:** ya que una parte de los fotones habrán experimentado dispersión Compton antes de su detección.
3. **Resolución temporal finita en el detector:** dado que se detectarán eventos con energía mayor que el pico de mayor energía, debido a interacciones entre varios fotones con el detector que ocurran suficientemente juntas en el tiempo tal que no puedan resolverse como eventos separados.

La proporción de eventos en el pico de emisión característico o foto-pico aumenta con el tamaño del cristal detector, ya que aumenta la probabilidad de que el rayo gamma deposite toda su energía. Sin embargo, los detectores grandes proporcionan peor resolución espacial debido a la mayor dispersión de la luz en los mismos.

El número de eventos en el rango de energía de interés se puede aumentar incrementando la proporción de fotones que interactúan mediante absorción fotoeléctrica. Esto se puede conseguir escogiendo centelladores con un número atómico efectivo (Z efectivo) elevado. El coeficiente de atenuación lineal también se incrementa a medida que se incrementa el Z efectivo, así que, eligiendo centelladores apropiados, también se incrementa la sensibilidad.

La resolución de energía del sistema se puede a su vez mejorar incrementando la calidad de la señal que viene del PMT.

2.7. ADQUISICIÓN DE DATOS

Para la obtención de las imágenes 3D objetivo de estas técnicas es necesario detectar, digitalizar y transferir a un ordenador las señales captadas por la gamma cámara en diferentes posiciones angulares alrededor del paciente. A partir de estos datos, podremos obtener un conjunto de proyecciones que, tras un proceso de corrección adecuado y mediante la aplicación de un algoritmo de reconstrucción, darán lugar a imágenes con información generalmente cualitativa (aunque puede ser también cuantitativa) sobre la distribución del compuesto inyectado.

Por tanto, el tomógrafo necesita de un software que controle:

- Secuencias ordenadas de movimientos, en función del protocolo elegido para la realización de estudios tomográfico.
- La lectura de los datos que genera la gamma cámara y su almacenamiento ordenado, así como información útil para realizar las correcciones oportunas en la etapa de procesado de la imagen.

En el capítulo 3, explicaremos con más detalle el software de adquisición y control encargado de realizar dichas tareas para el caso de nuestro prototipo SPECT.

2.7.1. MODOS DE ADQUISICIÓN

Es habitual que los equipos SPECT incluyan información de sincronización durante la adquisición de datos. Esta información puede contener desde una simple referencia temporal o espacial (por ejemplo un contador de tiempo o una marca digital que indique la posición angular de el/los detectores) hasta una o varias señales biológicas de interés del sujeto bajo estudio (pulso cardíaco o respiración). Esto permite la posterior ordenación de los datos o incluso la adquisición directa en un determinado formato. Destacamos a continuación los modos más comunes de adquisición de datos[11]:

- **Modo proyección:** En él los eventos individuales se ordenan en la localización espacial x-y apropiada dentro de la matriz de una imagen digital. Se obtiene al final del estudio uno o varios conjuntos de proyecciones. La distinción entre vistas proyectivas (posiciones angulares) o intervalos temporales se consigue generando archivos diferentes para cada una (Figura 2.14). En este modo los datos tienen un tamaño fijo.

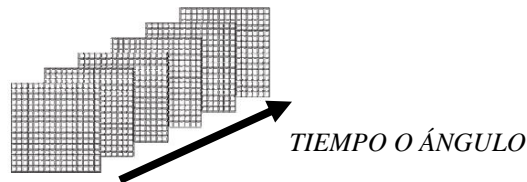


Figura 2.14. Esquema genérico de la disposición de los datos en modo proyección.

- **Adquisición sincronizada (Gated mode):** Los datos se adquieren en sincronía con los latidos del corazón o con el ciclo respiratorio, para que así todas las imágenes se adquieran en el mismo instante del ciclo de movimiento (Figura 2.15). Este modo reduce el emborronamiento y posibles artefactos producidos por el movimiento del cuerpo, pero requiere un procesamiento adicional.

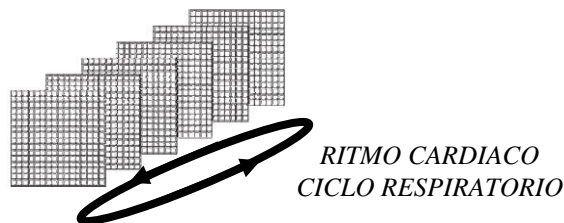


Figura 2.15. Esquema genérico de la disposición de los datos en gated mode.

- **Modo lista:** Se basa en almacenar en disco tanto las coordenadas de posición como la energía de cada evento individual según llega de la gamma cámara al ordenador, sincronizando los datos con marcas adecuadas. Se obtienen al final todos los datos del estudio, en un único archivo, ordenados secuencialmente en el tiempo. Un ejemplo de marca de sincronismo es el cambio de posición angular del anillo rotatorio, que indica que los datos hasta una nueva marca corresponden a una misma posición angular. Se pueden definir formatos de los archivos lista más o menos complejos dependiendo de las características concretas de cada sistema. En la Figura 2.16 se muestra un ejemplo. Es el modo que más carga computacional requiere.

(X_1, Y_1, Z_1, t_1)
(X_2, Y_2, Z_2, t_2)
...
(X_k, Y_k, Z_k, t_k)
(marca de sincronismo)
$(X_{k+1}, Y_{k+1}, Z_{k+1}, t_{k+1})$
...
(X_m, Y_m, Z_m, t_m)
(marca de sincronismo)
$(X_{m+1}, Y_{m+1}, Z_{m+1}, t_{m+1})$
...
(marca de sincronismo)
...
....
(marca de sincronismo)
...
...
(X_n, Y_n, Z_n, t_n)

Figura 2.16. Esquema genérico de la disposición de los datos en el modo lista.

Mediante la lectura apropiada de este archivo, se pueden obtener las proyecciones individuales proporcionadas por los otros modos.

2.8. PROCESADO DE LOS DATOS

Los datos obtenidos, deben ser procesados antes de realizar la reconstrucción de la imagen. Destacamos los siguientes pasos en dicha etapa:

- Discriminación de cuentas válidas y no válidas de entre los eventos detectados que conllevan distorsión en la imagen reconstruida. Se suele llevar a cabo por el software de adquisición y control del tomógrafo.
- Correcciones relacionadas con el rendimiento de la gamma cámara. Es decir, imperfecciones inherentes a los detectores del sistema (colimador, cristal de centelleo, tubo fotomultiplicador) y sus circuitos electrónicos (ruido introducido por los ADCs integradores). Éstos conllevan la aparición de artefactos en la imagen reconstruida si no se corrigen adecuadamente.

Como se explica en apartados subsecuentes de este trabajo, estas correcciones serán generadas por la aplicación de calibración desarrollado para el tomógrafo FSPECT (ficheros de calibración) y serán utilizadas tanto por el software de adquisición y control (la corrección relacionada con electrónica de adquisición de datos) como por la aplicación de reconstrucción (la corrección de ganancia y sensibilidad de los detectores) antes de llamar a los algoritmos de reconstrucción.

- Correcciones relacionadas con el alineamiento mecánico de los detectores instalados en el anillo rotatorio del tomógrafo y de los propios detectores con el centro de rotación del aparato (COR). También conllevan un emborronamiento adicional en las imágenes resultantes o artefactos en forma de anillo[7]. Esta corrección también se genera por la aplicación de calibración (fichero de calibración) y es utilizado por la aplicación de reconstrucción antes de llamar a los algoritmos de reconstrucción.

Las correcciones aplicadas sobre las proyecciones adquiridas, serán explicadas en la sección 4.2.2.1 del documento, donde se describe cuál es el procesado llevado a cabo antes de llamar a los algoritmos de reconstrucción implementados para el tomógrafo FSPECT.

2.9. RECONSTRUCCIÓN TOMOGRÁFICA

2.9.1. SISTEMAS PROYECTIVOS

La **tomografía** (del griego *tomé*, cortar, y *grafos*, dibujo), consiste en la obtención de imágenes de cortes de un objeto sin la necesidad de practicar dicho corte, permitiendo así estudios *in vivo* que de otra forma serían difíciles si no imposibles de realizar.

Definimos **imagen** como la representación 2D o 3D de alguna propiedad del objeto.

En la actualidad existen diferentes sistemas de imagen médica tomográfica como pueden ser el PET, SPECT, RM o CT. Estas técnicas parten de la idea de que cualquier objeto con una determinada distribución espacial de alguna característica física medible (densidades o concentraciones) puede descomponerse en un conjunto de proyecciones que pueden ser muestreadas y a partir de ellas reconstruir la imagen del objeto.

Entre las modalidades de imagen médica comentadas cabe diferenciar entre tomografía de emisión, si es el propio objeto el que emite los rayos a partir de los cuales se muestrean las diferentes proyecciones (PET y SPECT), y tomografía de transmisión, si los rayos son emitidos desde una fuente externa (CT de rayos X).

En el primer caso, en la imagen se asocian niveles de gris a concentraciones de radiofármaco, en el segundo caso los niveles de gris se asocian con densidad de tejido (atenuación ante los rayos X de las diferentes estructuras).

2.9.2. CONCEPTO DE PROYECCIÓN

Supongamos que tenemos una sola rodaja 2D de un objeto con una concentración de radiofármaco como la mostrada en la Figura 2.17. En ella los parámetros μ_i , asociados con un determinado nivel de gris, equivalen a una concentración mayor o menor de radiofármaco, dependiendo del número de cuentas detectadas.

Las dos proyecciones mostradas (una para $\Theta = 0^\circ$ y otra para $\Theta = 90^\circ$, siendo Θ el ángulo entre las líneas de respuesta y el eje de referencia del tomógrafo) contienen información de una rodaja, con distintas concentraciones de radiofármaco para distintas posiciones angulares. El muestreo ilustrado, consta únicamente de 2 posibles líneas de respuesta definidas por proyección. Por tanto, las proyecciones de la rodaja 2D de la figura estarían definidas en el eje vertical por la suma del número de cuentas detectadas en cada uno de los píxeles que atraviesa la LOR (para una determinada Θ) y en el eje horizontal por la distancia al centro del sistema de referencia utilizado, de cada una de las líneas de respuesta definidas.

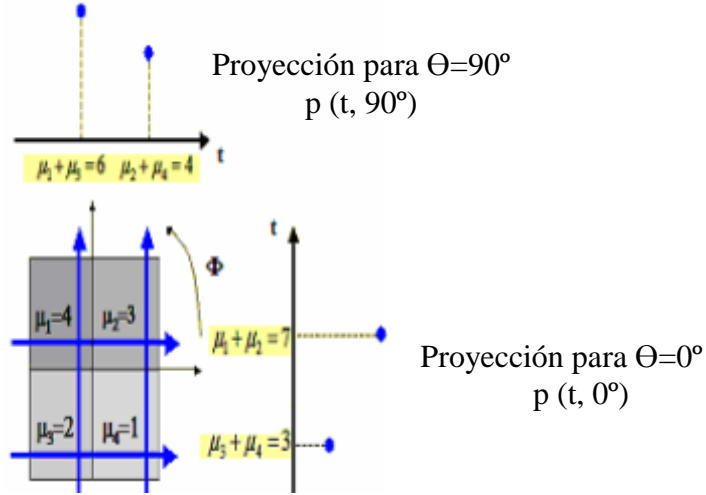


Figura 2.17. Concepto de proyección.

Una definición más formal, puede ser explicada basándonos en la Figura 2.18.

Usando la geometría de rayos paralelos, se parte de proyecciones paralelas que idealmente representan los valores de la integral de línea de la distribución para un parámetro determinado como por ejemplo el coeficiente de atenuación o la concentración de un determinado radiofármaco previamente introducido en el objeto bajo estudio. Así una proyección no es más que una combinación de integrales de línea de alguna propiedad de la imagen como se define en las siguientes ecuaciones:

$$P_\theta(t) = \int_{(\theta,t)} f(x,y) \cdot ds = \int_{-\infty}^{\infty} f(x,y) \cdot \delta(x \cdot \cos(\theta) + y \cdot \sin(\theta) - t) \cdot dx \cdot dy \quad (2.12)$$

$$\text{Con: } t = x \cdot \cos \theta + y \cdot \sin \theta \quad (2.13)$$

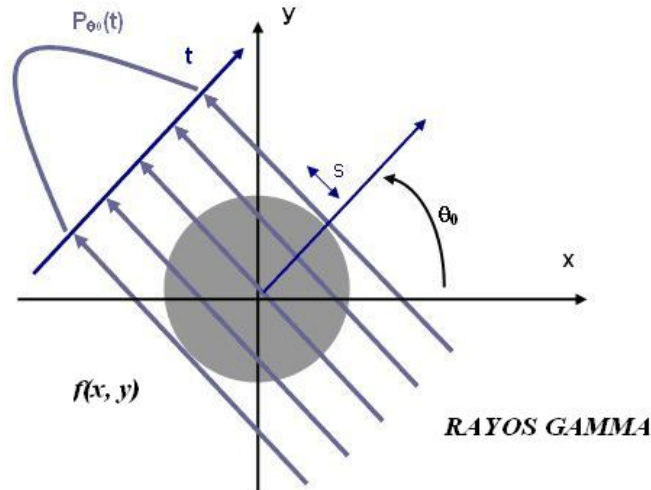


Figura 2.18. Definición de proyección de un objeto 2D.

Donde:

- $f(x, y)$: función bidimensional que representa la concentración de radiofármaco en una rodaja del objeto.
- $P_{\theta_i}(t)$: proyección para el ángulo θ_i , definida en 1D para cada ángulo como una función de las distancias al centro (t), de las líneas de respuesta del sistema. Cada LOR está definida por sus coordenadas polares (t, θ_i).

Por tanto, el conjunto de todas las integrales de línea paralelas a una dirección dada es lo que se denomina **proyección**[6].

La función $P_{\theta}(t)$ para todo valor de t y todo θ se conoce como *transformada Radon* de la función $f(x, y)$ [12]. El conjunto de datos medidos que definen puntos en esta transformada se agrupan formando lo que se conoce como **sinogramas**. La forma de construir estos sinogramas es ir alineando las proyecciones para ángulos consecutivos una detrás de otra de forma que una imagen que fuera un punto describiría una senoide (de ahí su nombre).

La Figura 2.19, muestra cómo obtener dicho sinograma a partir de proyecciones. Además, t y θ permiten representar las líneas de respuesta con respecto al sistema de coordenadas cartesiano (x, y).

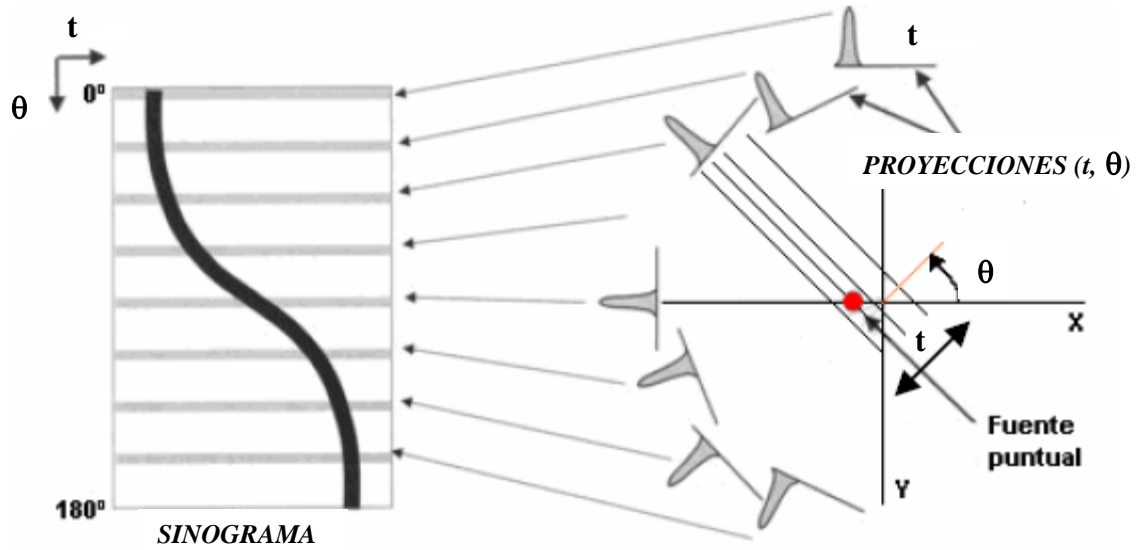


Figura 2.19. *Proyecciones de una fuente puntual y ordenación de las mismas para construir un sinograma.*

En la Figura 2.20 se muestran sinogramas formados por proyecciones tomadas barriendo un ángulo de 180° para puntos en dos localizaciones diferentes del campo de visión.

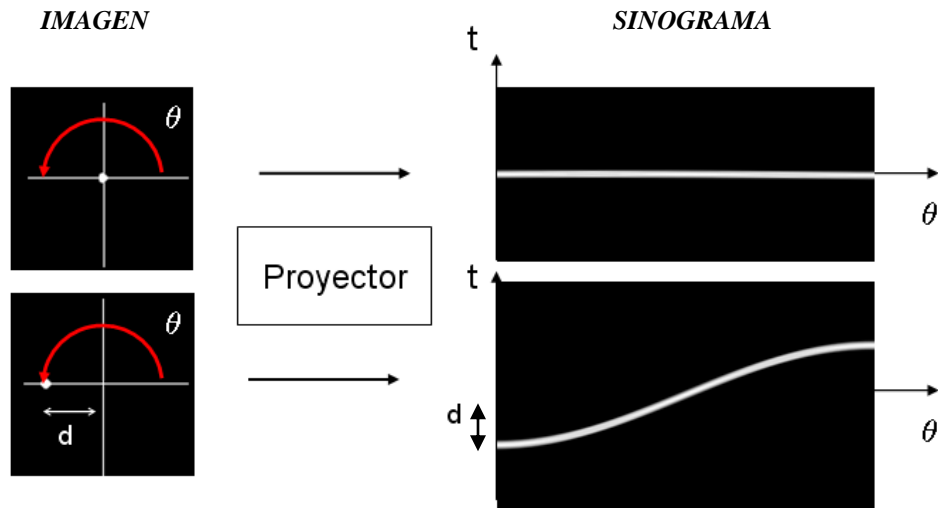


Figura 2.20. *Sinograma de un punto.*

En la parte superior, vemos que un punto centrado en el origen da lugar a un sinograma recto dado que las proyecciones para todos los θ son iguales. En la parte inferior, se representa el sinograma de un punto excéntrico en el cual la ordenación de las proyecciones de los diferentes θ da lugar a un patrón sinusoidal.

El sinograma de objetos más complicados es un conjunto de estas sinusoides descritas por las diferentes estructuras que componen el objeto, dando lugar a imágenes como la de la Figura 2.21:

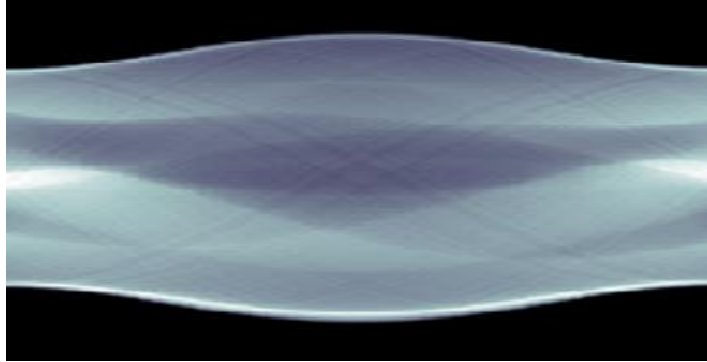


Figura 2.21. *Ejemplo de sinograma real.*

Los datos se guardan sólo para el rango $0 < \theta < \pi$ dado que para el intervalo $\pi < \theta < 2\pi$, las proyecciones son simétricas a las del intervalo anterior según la relación:

$$P_{\theta + \pi}(t) = P_{\theta}(-t) \quad (2.14)$$

2.9.3. ALGORITMOS DE RECONSTRUCCIÓN

La última etapa en la formación de imagen es la reconstrucción tomográfica. Podemos agrupar los algoritmos más habituales de reconstrucción de imagen en dos grandes tipos: *analíticos* e *iterativos*[13].

- **ALGORITMOS ANALÍTICOS**

Se pueden considerar como diferentes aproximaciones para obtener una transformación inversa que permite recobrar una imagen a partir de sus proyecciones. En las últimas dos décadas se han desarrollado varios algoritmos de reconstrucción para imágenes SPECT, similares a los utilizados para la reconstrucción en otras modalidades tomográficas. En general, se basan en el algoritmo de *retroproyección* (que describimos a continuación) y sus diversas variantes según se efectúe un filtrado antes o después de la retroproyección y en el dominio de la imagen o de la frecuencia.

RETROPROYECCIÓN FILTRADA

Es un método sencillo de obtener una reconstrucción volumétrica de la zona de estudio a partir de las múltiples proyecciones generadas en el proceso de adquisición. Consiste en una retroproyección lineal al cual se aplica un filtrado de la imagen, basado en una teoría matemática de reconstrucción de la imagen denominada **transformada de Radon**[14], desarrollada por el matemático alemán Johann Radon en 1917.

En el caso de la retroproyección, la información del número de fotones almacenada en un píxel es trasladada a todos los demás píxeles perpendiculares al detector, dando lugar a lo que se denomina *suma de rayos*. Si el objeto en estudio tiene forma puntual, la proyección del punto hacia atrás (**retroproyección**) dará lugar a una serie de líneas o rayos cuyo entrecruzamiento originará la representación de ese punto, como se puede ver en la Figura 2.22.

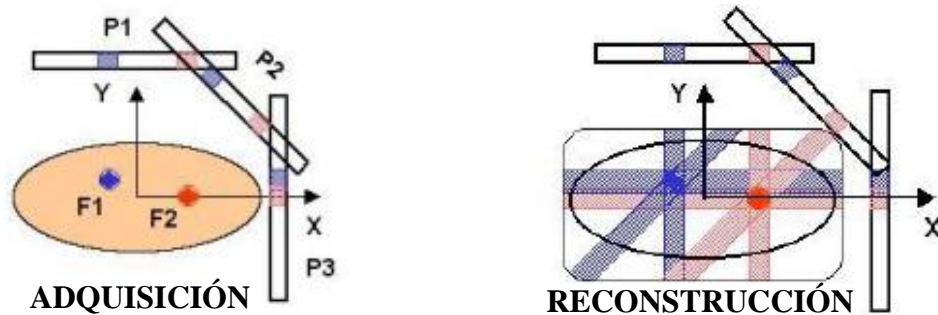


Figura 2.22. Método de reconstrucción de imagen basada en la retroproyección.

El resultado es una imagen reconstruida que mostrará la localización correcta del punto.

El algoritmo de retroproyección se aplica a cada corte, por tanto, apilando cada corte transversal (bidimensional), obtendremos la distribución tridimensional de la radiactividad (Figura 2.23).

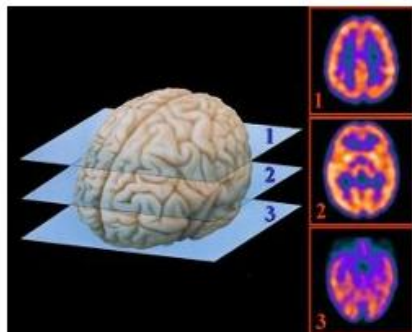


Figura 2.23. Apilamiento de cortes transversales para la obtención de un volumen tridimensional.

La retroproyección no genera imágenes de calidad debido a la generación de *artefactos en estrella* (Figura 2.24), debidos a los cruces de las múltiples líneas de retroproyección. En una imagen compleja, este efecto es muy distorsionante y resta utilidad diagnóstica a menos que se apliquen métodos para corregirlo.

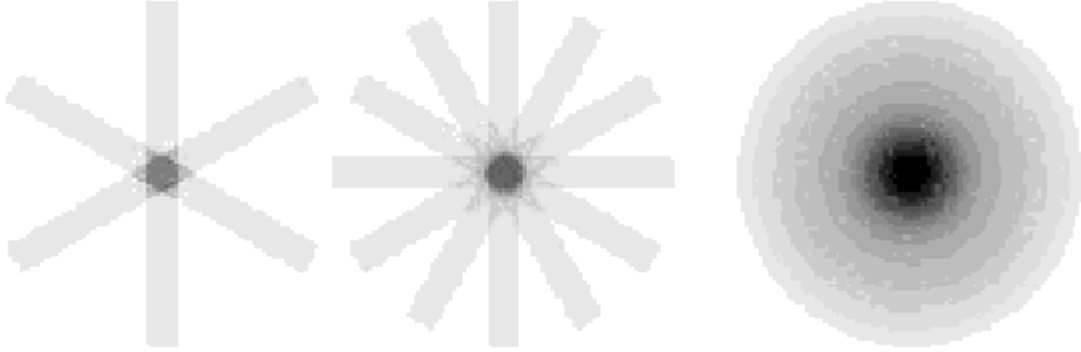


Figura 2.24. *Artefactos en estrella alrededor del objeto reconstruido.*

Para poder eliminar esos artefactos y mejorar así la imagen resultante se realiza un filtrado paso alto. Éste puede realizarse en el dominio espacial o mucho más fácilmente en el dominio de las frecuencias, utilizando la *transformada de Fourier*.

Las frecuencias en el caso de la SPECT, se describen como *la variación de la actividad de los objetos en el paciente* (órganos, tumores, etc.). Las zonas donde más varía la actividad son los bordes de los órganos, que es donde encontraremos las frecuencias más altas. A las frecuencias del órgano que estudiamos se añaden frecuencias generadas por un porcentaje de fotones que no son del paciente, sino que llegan desviados y con diferente energía tras chocar con el colimador, con el detector, con el propio paciente, etc., denominadas ruido estadístico y que se generan en mayor medida en las imágenes deficientes en fotones.

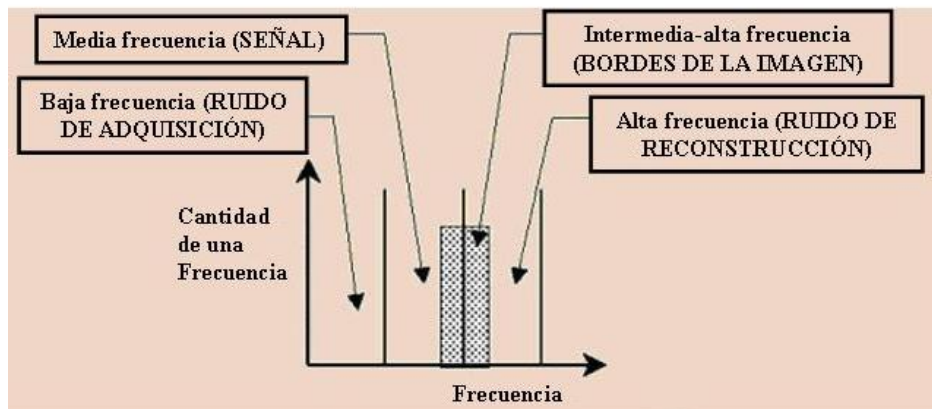


Figura 2.25. *Distribución de frecuencias en imagen SPECT.*

El espectro total de frecuencias se puede filtrar mediante el aumento o disminución de la amplitud de las mismas. El filtrado básico en este tipo de aproximación consiste en la aplicación de un **filtro rampa** (Figura 2.26) que se aplica sobre cada proyección antes de retroproyectar, con el objetivo de eliminar las frecuencias bajas que se generan en la retroproyección más el ruido estadístico.

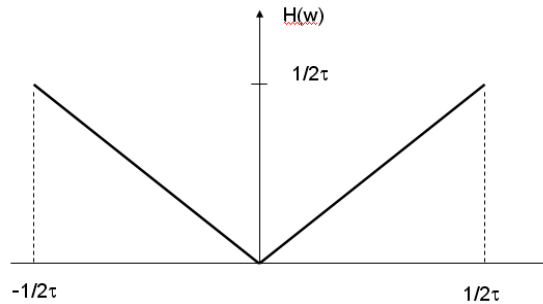


Figura 2.26. *Filtro rampa.*

Cuando se utiliza el filtro rampa, el ruido que queda en las frecuencias más altas se verá muy amplificado y los cortes reconstruidos serán muy ruidosos, por tanto, se suele combinar su uso con filtros de suavizado (Hanning, Shepp-Logan, Butterworth, etc.) o con filtros de restauración (Metz y Wiener) que serán comentados en la sección 4.3 del documento.

- **ALGORITMOS ITERATIVOS**

La retroproyección filtrada amplifica el ruido lo cual afecta negativamente a la imagen. Shepp y Vardi introdujeron una técnica de reconstrucción iterativa[15] en 1982 que parte de una distribución de imagen actual estimada que proporcionaría unas proyecciones lo más similares posibles a las realmente adquiridas, basándose en la teoría de la maximización de la esperanza EM (*Expectation Maximization*). Esta técnica usa todas las proyecciones al hacer cada iteración, por tanto requiere de un tiempo de cómputo mayor que la anterior y consecuentemente, ordenadores potentes.

Buscando disminuir el tiempo de cálculo, Hudson y Larkin[16] desarrollaron la técnica **OSEM** (*Ordered Subset Expectation Maximization*). Este algoritmo consiste en dividir los datos de la proyección en pequeños grupos y usar el algoritmo EM para cada pequeño grupo (subconjunto) en cada iteración. La solución para estos pequeños grupos se usa como punto de partida para el siguiente subconjunto y así sucesivamente, por tanto, el tiempo de ejecución del proceso iterativo es mucho menor.

A continuación mostramos el diagrama de flujo que sigue el proceso iterativo para obtener la imagen reconstruida[17]:

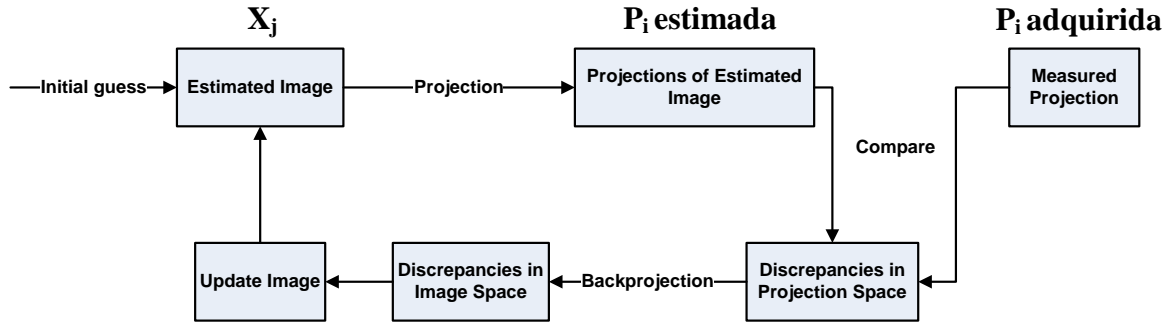


Figura 2.27. Diagrama de flujo utilizado en un algoritmo iterativo de tipo EM para obtener la imagen reconstruida.

La reconstrucción iterativa implica dos pasos fundamentales: la *retroproyección* y el proceso de intentar *estimar* las proyecciones para ir aproximándose a la distribución correcta. Los pasos seguidos se describen a continuación:

1. Realizar una estimación inicial de la distribución de la actividad.
2. Utilizando esta estimación, calcular cómo serían las proyecciones que generan esa distribución.
3. Comparar las proyecciones estimadas con las proyecciones obtenidas en el proceso de adquisición.
4. Usar la diferencia entre las proyecciones estimadas y las reales para alterar la estimación previa (involucrando una retroproyección).
5. Regresar al paso 2 (nueva iteración) y continuar con el proceso hasta que la diferencia en el paso 3 sea muy pequeña.

A medida que aumenta el número de iteraciones la imagen se ve más detallada pero también más ruidosa (Figura 2.28), sin embargo, debe evitarse el uso de un número reducido de iteraciones para tener que suavizar menos después.

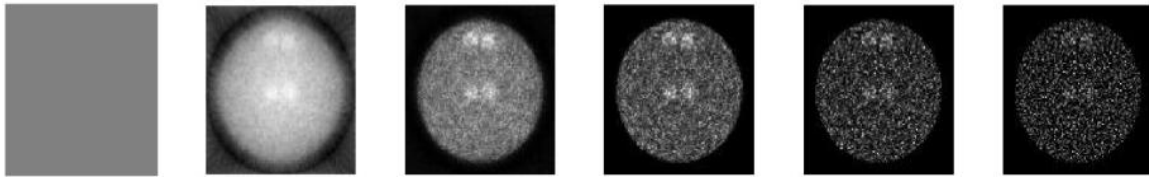


Figura 2.28. Ejemplo de reconstrucción iterativa. De izquierda a derecha, el número de iteraciones aumenta en cada imagen.

Por tanto, es aconsejable realizar iteraciones hasta que la imagen se resuelva con el detalle deseado, siendo un hecho de debate actual cuál es el número apropiado de iteraciones de estos algoritmos en diferentes equipos y situaciones.

Para el cálculo de la nueva imagen estimada en cada una de las iteraciones, debe incorporarse todo el conocimiento físico del proceso de adquisición de imágenes: la variación de la resolución en el campo de visión del detector, la variación de atenuación, la radiación dispersa con la geometría del objeto y la distribución de la radiactividad entre otras. Matemáticamente, en el proceso de reconstrucción iterativa, se utiliza una matriz (denominada *matriz del sistema*, F_{ij}) que contiene la información sobre la probabilidad de contribución de cada píxel del corte tomográfico (X_i) en cada píxel del perfil de la proyección (P_i). Esto involucra la solución de un sistema de ecuaciones lineales con muchas incógnitas (representado de forma genérica como $\mathbf{FX} = \mathbf{P}$, ver Figura 2.29), que es difícil de resolver por métodos estándar, por lo que se suele usar un método aproximado, iterativo como el que hemos explicado anteriormente[17].

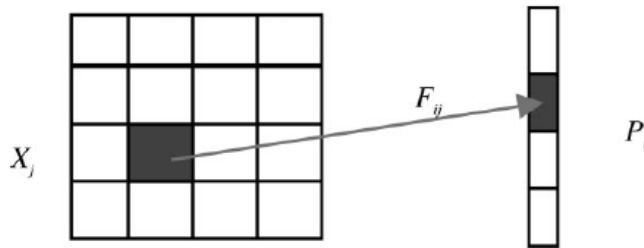


Figura 2.29. Representación de los componentes utilizados en la notación de un algoritmo de reconstrucción iterativo de tipo EM.

En cuanto a las ventajas de los métodos iterativos destacamos que las imágenes reconstruidas son de buena calidad para aplicaciones clínicas, eliminándose los artefactos de estrella que aparecen en la retroproyección filtrada y mejorando la relación señal a ruido. En cuanto a las desventajas destacamos el elevado coste computacional, ya que estas técnicas necesitan ordenadores rápidos con una gran cantidad de memoria para procesar las imágenes y un gran espacio de almacenamiento.

2.10. INVESTIGACIÓN CON ANIMALES Y SU RELACIÓN CON LA TÉCNICA SPECT

La investigación en múltiples campos de las ciencias biomédicas se encuentra, con frecuencia, con la dificultad que entraña la extrapolación de los resultados obtenidos en los estudios experimentales con animales a lo que puede ocurrir en humanos. Es fundamental transferir la investigación básica a la investigación clínica y de ésta a la práctica clínica. La minimización del tiempo que transcurre en todo este proceso es sin duda uno de los grandes retos de la investigación. En la etapa de investigación básica con animales, los avances en las técnicas de imagen están contribuyendo a la aceleración de este proceso.

Desde las primeras investigaciones realizadas con animales hasta la actualidad, son muchas las especies animales que han contribuido al progreso de la ciencia y del conocimiento. La mayor parte de investigación biomédica se lleva a cabo con mamíferos, fundamentalmente con *roedores*. Si se observan las estadísticas del número de animales utilizados en todo el mundo se ve que, en cuanto a número, los ratones suponen más del 60% del total de los animales utilizados mientras que el de las ratas se encuentra alrededor del 30%. El resto corresponde principalmente a cobayas, hámsteres y conejos. Hay otras muchas especies de gran importancia en la investigación, pero que cuantitativamente no pueden competir con estas (perros, gatos, primates, cerdos, embriones de pollo, etc).

Además, la evolución de las tecnologías transgénicas y de los genes *knockout* (técnica genética consistente en suprimir la expresión de un gen en un organismo, sustituyéndolo por una versión modificada del mismo) que facilita el desarrollo de modelos animales (Figura 2.30), ha potenciado que los pequeños animales, como ratas y ratones, se hayan convertido en los más ampliamente utilizados en múltiples disciplinas médicas[18].



Figura 2.30. Ratones modificados genéticamente que se utilizan en investigación.

La imagen nuclear ha demostrado ser un método de gran efectividad para la evaluación del efecto de una determinada mutación genética o una terapia farmacológica. Además, las imágenes de pequeños animales se pueden utilizar para desarrollar y probar nuevas sondas de imagen molecular. Debido al carácter funcional de la técnica SPECT, ésta es aplicable no sólo al estudio de funciones biológicas sino que también cabe destacar su aplicación tanto en el desarrollo de nuevos fármacos como en la investigación biológica básica, siendo éstas las razones fundamentales para la aplicación de esta técnica en animales de laboratorio. Con la modalidad SPECT se puede determinar si un fármaco alcanza el tejido u órgano para el que fue diseñado o si por el contrario, va a parar a otro lugar (lo cual podría traducirse en efectos tóxicos para el paciente).

Adicionalmente, el uso de estas técnicas de imagen no invasiva como SPECT aporta grandes ventajas frente a técnicas clásicas como la autorradiografía o la realización de análisis histológicos que requieren sacrificar al animal. Entre otras: permite utilizar menos animales para determinar datos, usar un animal como su propio control y hacer estudios longitudinales con un mismo sujeto.

Sin embargo, no cabe duda que la posibilidad de llevar a cabo estudios animales que permitan resolver las incertidumbres diagnósticas, se enfrenta a un problema fundamental: la *diferencia de escala*, que supone un reto considerable para el desarrollo de sistemas de imagen de pequeño animal que permitan obtener imágenes con resoluciones adecuadas al tamaño y herramientas de procesado que tengan en cuenta problemas que aparecen en este tipo de animales y que no ocurren en humanos o animales más grandes, como es por ejemplo el reducido tamaño de sus órganos.

Para ello, es necesario adaptar los equipos de imagen médica disponibles a las nuevas características requeridas. Como puede verse en la Tabla 2.2, las diferencias más destacadas las encontramos en el tamaño del campo de visión (*FOV*) y la resolución espacial requerida. Por ejemplo, el campo de visión necesario para animales de laboratorio es aproximadamente 10 veces menor que el necesario para humanos y la resolución espacial ha de ser unas 10 veces más elevada.

Otra diferencia radica en que en el caso animal, el sujeto bajo estudio es un medio menos dispersivo y atenuante que en el caso humano, ya que las dimensiones corporales son muy distintas[19].

SPECT EN HUMANOS	<i>SPECT EN PEQUEÑO ANIMAL</i>
Resolución espacial aprox. 1 cm	<i>Desde 4mm hasta < 1mm</i>
FOV aprox. 50 cm	<i>FOV aprox. 5 cm</i>
Colimador paralelo, >>Sensibilidad	<i>Colimador pinhole, << Sensibilidad</i>
Dimensión corporal >> 1/μ	<i>Dimensión corporal << 1/μ</i>
Dispersión y atenuación elevadas	<i>Dispersión y atenuación bajas</i>
Necesarios isótopos con E>=100 keV	<i>Se pueden usar energías desde 30 keV</i>
Dosis de radiación crítica	<i>Volumen de trazador crítico</i>

Tabla 2.2. *Diferencias entre SPECT en humanos y SPECT para animales de laboratorio.*

En los estudios de imagen con radionúclidos, los límites de los órganos son muchas veces difíciles de distinguir y la localización exacta de las zonas de captación es problemática, por ello, la tendencia actual es la de producir sistemas multimodalidad *SPECT/CT* capaces de proporcionar adicionalmente a esa información funcional, información morfológica que permite la localización exacta de las zonas de captación mediante la fusión de las imágenes de ambas modalidades. Los radiotrazadores se acumulan en órganos específicos o tipos de células, pero la localización exacta de esa acumulación puede ser difícil de determinar sin información anatómica adicional, como la localización de estructuras esqueléticas, vías respiratorias y otros órganos.

Una característica común en estos sistemas es el uso de colimadores *pinhole*, *multipinhole* y en algunas ocasiones *paralelos*, intercambiables según el tipo de estudio y el tamaño del animal.

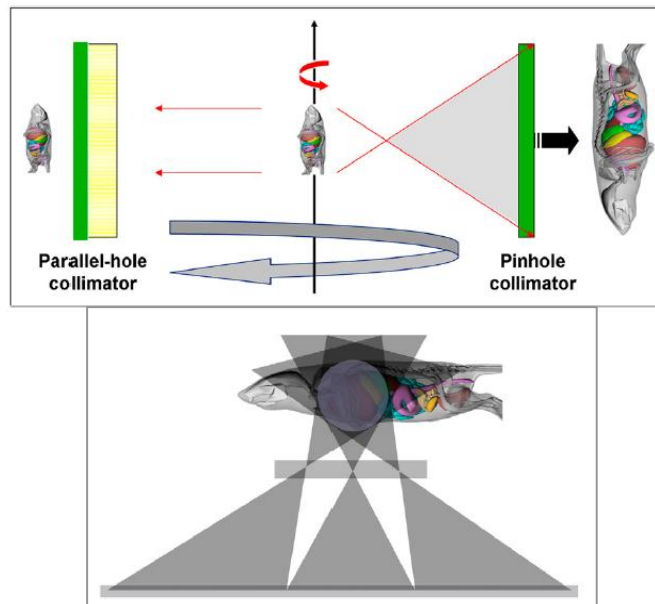


Figura 2.31. Comparación de las geometrías del colimador de agujeros paralelos, *pinhole* y *multipinhole* en imagen preclínica de pequeño animal.

El colimador más usado es el *multipinhole* que proporciona la resolución espacial requerida en aplicaciones con pequeños animales y garantiza una sensibilidad adecuada para poder realizar estudios dinámicos. Por esta razón, todos los tomógrafos SPECT del mercado utilizan múltiples cabezas detectoras diferenciándose básicamente en su configuración para la adquisición de datos:

- **Sistema de detección estacionario:** Con un número suficiente de detectores colocados en un soporte mecánico alrededor del eje axial del tomógrafo y enfocando sobre los mismos las aperturas de los colimadores *multipinhole*, es posible adquirir conjuntos válidos de proyecciones en unos pocos segundos. Por el contrario, al usar muchos detectores, el equipo se encarece y la calibración y mantenimiento son más complejos.
- **Sistema de detección rotatorio:** En esta configuración, el soporte mecánico o *gantry*, permite a la gamma cámara describir una órbita elíptica o circular alrededor del paciente. Algunos incluso permiten trazar órbitas que siguen el contorno del paciente. Estos modos de adquisición (Figura 2.32) surgen para reducir el hecho de que la resolución espacial de las gammas cámaras que usan colimadores paralelos empeora al aumentar la distancia entre el paciente y el detector.

Las órbitas elípticas o las que siguen el contorno del paciente permiten al detector pasar más cerca del paciente que en el caso de las órbitas circulares, lo que conlleva mejoras significativas en la resolución espacial.



Figura 2.32. *Distintos tipos de órbita disponibles en sistemas SPECT.*

CAPÍTULO 3

Este capítulo proporciona, en primer lugar, una breve descripción de los módulos que forman del prototipo SPECT que se está desarrollando en el Laboratorio de Imagen Médica del HGUGM. A continuación, se explican las características relevantes del aparato y el significado de cada uno de los estados internos por los que va pasando durante el proceso de adquisición de datos así como su relación con la interfaz de usuario desarrollada en este trabajo. Por último, se describen las especificaciones funcionales de dicha interfaz y el diagrama de estados diseñado para cumplirlas.

3. DESCRIPCIÓN SISTEMA DE ADQUISICIÓN

3.1. ESTRUCTURA DEL SISTEMA

El prototipo de tomógrafo SPECT que está siendo desarrollado (llamado FSPECT) consta de dos gamma cámaras enfrentadas montadas sobre un soporte rotatorio. El tomógrafo cuenta a su vez con ejes de desplazamiento que permiten mover las cámaras en el eje x para poder acercarse y alejarse del sujeto bajo estudio y un eje de desplazamiento axial que permite mover la camilla del sistema (donde se coloca la muestra a escanear, ver Figura 3.2). Cada una de las cámaras está compuesta de una matriz de cristales centelladores de 30 x 30 elementos, un tubo fotomultiplicador sensible a posición y electrónica adecuada. Las cámaras están conectadas a un sistema de conversores analógico-digitales que transmiten la información digitalizada a un ordenador de control que se encarga de realizar cierto procesamiento y de generar los archivos necesarios para poder obtener imágenes tomográficas[20]. En la Figura 3.1, se muestra un diagrama de bloques de los elementos del sistema completo:

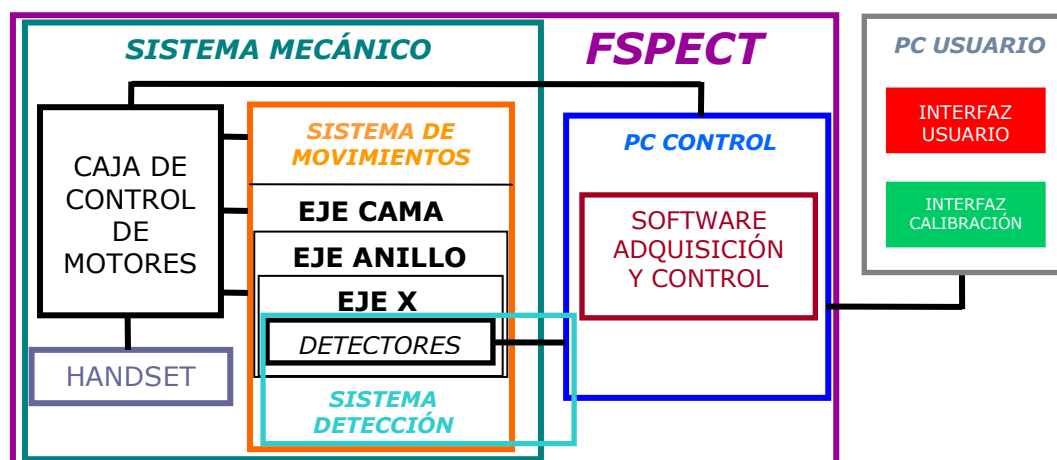


Figura 3.1. Diagrama de bloques del tomógrafo FSPECT.

A continuación pasamos a describir la funcionalidad de cada uno de los módulos incluidos en la figura anterior:

- **SISTEMA MECÁNICO:** Consiste en un conjunto de ejes de movimiento que se ha denominado sistema de movimientos; de una caja de control de motores, que hace de interfaz entre el sistema de movimientos y un PC de control; y de un *handset*, que permite mover el eje axial (camilla donde se sitúa el animal) para seleccionar el área a escanear (Figura 3.3).
 - *Sistema de movimientos:* Está compuesto por un soporte donde se alojan cuatro ejes de movimiento motorizados y uno manual, detallados a continuación (Figura 3.2):
 - Cama: El elemento mecánico asociado permite la realización de movimientos en la dirección axial del tomógrafo mediante un motor paso a paso que se gestiona desde el programa de adquisición o mediante un controlador manual o *handset*.
 - Anillo: En este elemento están alojados los bloques detectores. Su cometido es el de mover los detectores alrededor del eje axial. También se mueve mediante un motor paso a paso.
 - Movimientos de los detectores en el eje x (transaxial). Sirven para acercar o alejar los detectores de la fuente de estudio. Utilizan también motores paso a paso de gran precisión.

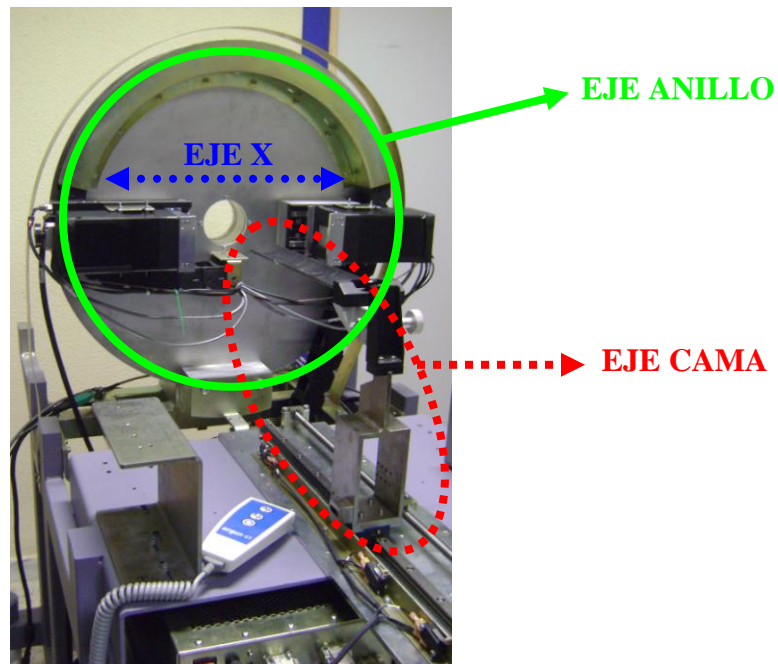


Figura 3.2. Sistema de movimientos del tomógrafo FSPECT.

- *Caja de control de motores:* Se trata de un sistema electrónico que hace de interfaz entre los ejes motorizados y el software de control y adquisición.
- *Handset:* Es un mando conectado a la caja de control de motores que permite desplazar la cama donde se sitúa el animal pulsando el botón de avance y retroceso.

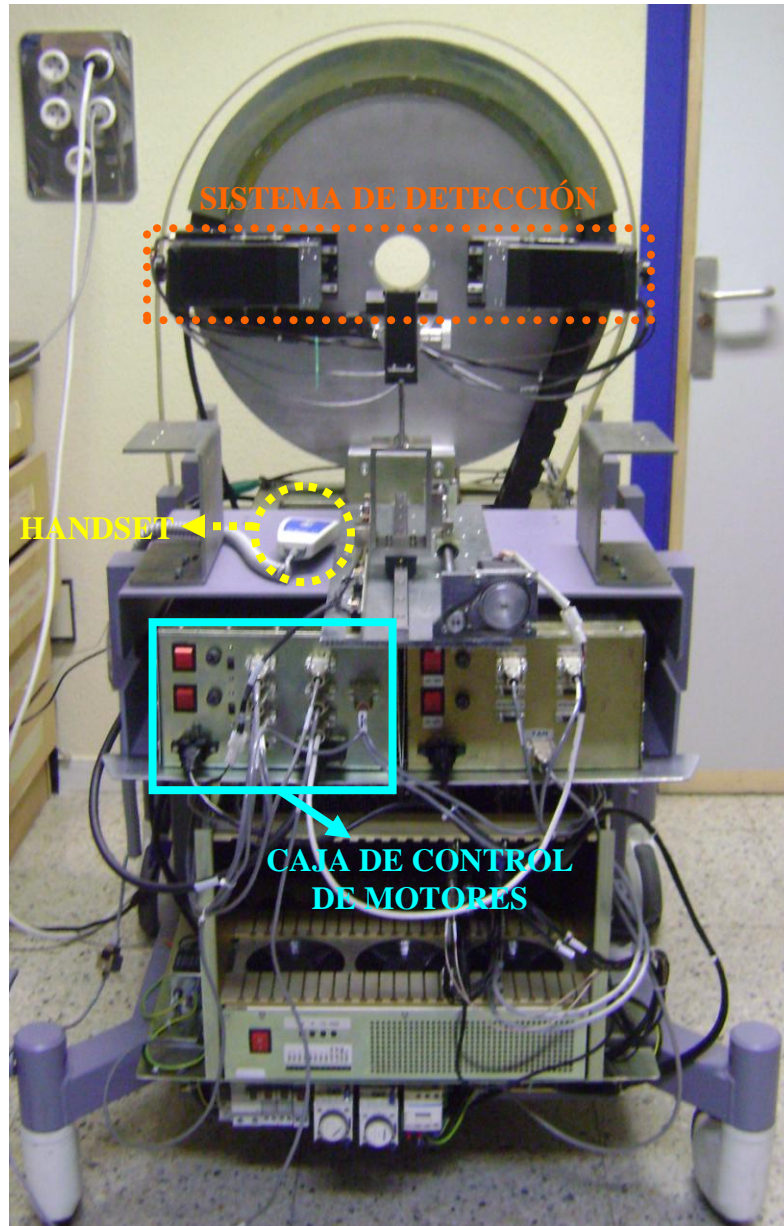


Figura 3.3. Vista frontal del sistema completo del tomógrafo FSPECT.

- **SISTEMA DE DETECCIÓN:** Está compuesto por 2 detectores de radiación sensibles a posición enfrentados y una versión mejorada de la electrónica de adquisición de datos presentada en[21].
 - *Detectores* (Figura 3.4): son dos gammacámaras acopladas mecánicamente al anillo rotatorio. Éstas contienen la electrónica necesaria para caracterizar los eventos detectados en posición y energía. Están diseñadas para ser equipadas con colimadores de *agujeros paralelos* orientados a la realización de estudios con ratas y colimadores de tipo *pinhole* orientados a la realización de imagen de órganos específicos o estudios de propósito general en ratón. Ambos colimadores se muestran en la Figura 3.5.

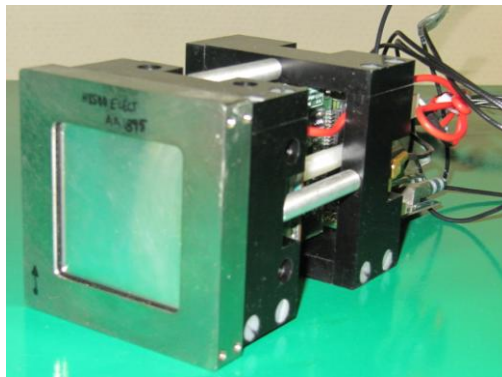
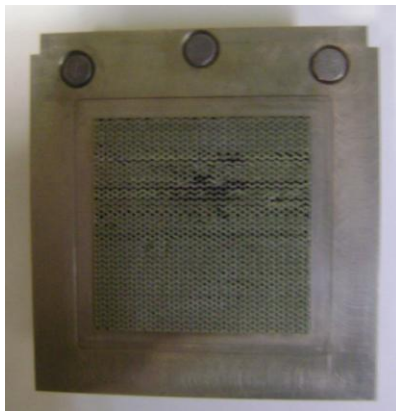


Figura 3.4. *Detector del tomógrafo FSPECT.*

COLIMADOR PARALELO



COLIMADOR PINHOLE

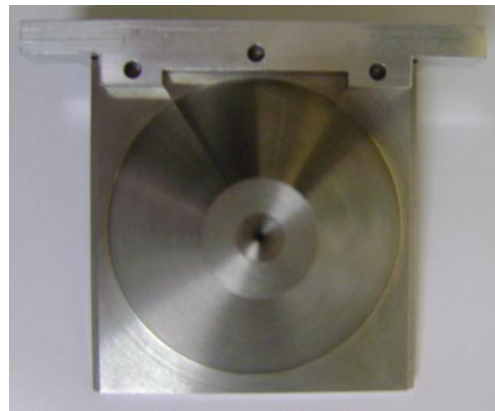


Figura 3.5. *Colimadores que pueden instalarse en los detectores del tomógrafo FSPECT.*

- **PC DE CONTROL:** Es un equipo informático (*S.O. Linux*) encargado de albergar el *software de adquisición y control* del tomógrafo y el resto de programas que se utilizarán para su evaluación y configuración.
 - **SOFTWARE DE ADQUISICIÓN Y CONTROL:** aplicación capaz de gestionar los elementos anteriores, para hacer que el conjunto sea capaz de adquirir los datos del sujeto bajo estudio y procesarlos de una forma adecuada.
- **PC DE USUARIO:** Es el equipo informático (*S.O. Windows*) encargado de albergar la herramienta software implementada en este proyecto. Su objetivo es abstraer al usuario de la complejidad del sistema para la realización de estudios tomográficos. En este módulo se encuadran los programas descritos en este trabajo que forman la denominada **interfaz de usuario**.

3.2. SOFTWARE DE ADQUISICIÓN DE DATOS

El *software de adquisición de datos y control* utilizado en el tomógrafo FSPECT se denomina **daq_SPECT**. Éste se ejecuta en una máquina Linux (*PC de control*) y está diseñado para ser gestionado desde la interfaz de usuario que se ejecuta bajo Windows (*PC de usuario*) y que ha sido desarrollada en IDL. La comunicación entre ambos equipos se lleva a cabo vía *Ethernet* (Figura 3.6).

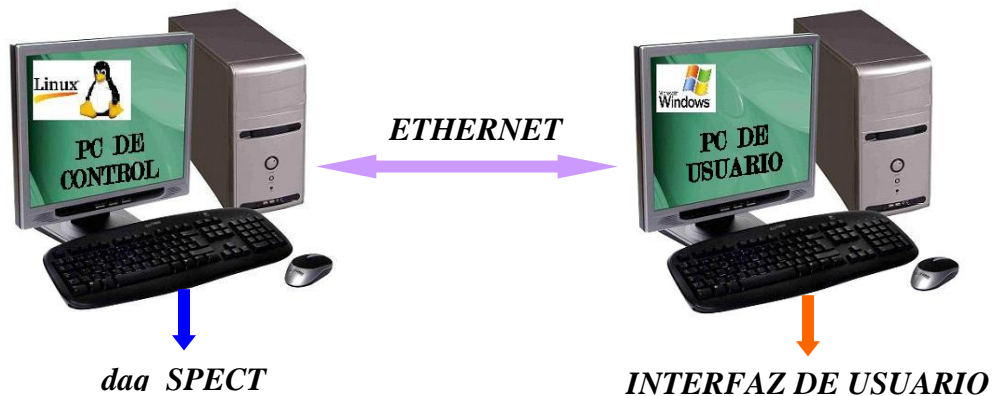


Figura 3.6. Comunicación entre ambos equipos.

La interfaz de llamada del programa de adquisición se basa en opciones de ejecución siendo además sensible a una serie de señales software que permiten controlar ciertos factores de la misma.

En líneas generales, el programa **daq_SPECT** lo que hace es sincronizar el movimiento de los diferentes componentes del tomógrafo con la lectura y procesado de los datos digitalizados según el protocolo de adquisición seleccionado. A más bajo nivel se encarga de generar los archivos que contienen los datos adquiridos (archivos en *modo lista* explicados en la sección 2.8.1) a partir de los eventos detectados por las gamma cámaras. Las características del sistema, que se enumeran en la siguiente sección, terminan de definir la funcionalidad del programa.

3.2.1. CARACTERÍSTICAS DEL SOFTWARE DE ADQUISICIÓN

A continuación se detallan las características básicas del programa final, que son necesarias describir antes de definir los parámetros de entrada de la interfaz de adquisición.

1. *Tipos de estudio soportados:* En la siguiente tabla se recogen los distintos estudios que van a poder realizarse con el tomógrafo FSPECT:

PROYECCIÓN (GAMMAGRÁFICO)	STEP & SHOOT (TOMOGRÁFICO)
<i>Estático</i> <i>Dinámico</i> <i>Cuerpo entero</i> <i>Cuerpo entero dinámico</i>	

Tabla 3.1. *Tipos de estudio implementados en el sistema de adquisición.*

- El modo *step & shoot* se basa en adquirir proyecciones en posiciones angulares equiespaciadas a lo largo de un barrido de los detectores alrededor del sujeto bajo estudio de 180° o 360°. Éstas se utilizan en los algoritmos de reconstrucción para la obtención de la imagen tomográfica final.
- El modo *proyección* no es más que una particularización del anterior, ya que en él sólo se adquieren imágenes en una única posición angular. Se obtienen así, imágenes planares (gammagrafías) y no imágenes tomográficas.

Dentro de cada tipo, tenemos cuatro modos de funcionamiento:

- *Modo estático (static):* No se mueve la cama de la posición de inicio en el tiempo que dura el estudio y se generan un conjunto de proyecciones y/o archivo en modo lista a partir del cual se obtendrá una sola imagen tomográfica.

- *Modo dinámico (dynamic)*: Se explora una misma posición de cama durante intervalos temporales consecutivos (*frames*). Esto conlleva la generación de una batería de conjuntos de proyecciones, de la cual se obtendrán varias imágenes tomográficas (tantas como *frames*), que mostrarán la evolución en el tiempo de la distribución del radiofármaco en el cuerpo del sujeto.
 - *Modo cuerpo entero (whole-body)*: El estudio se divide en posiciones de cama donde se aloja el sujeto. Cada posición de cama, corresponderá a una imagen tomográfica. Estas imágenes se podrán colocar una a continuación de la otra para obtener una única imagen donde se observe todo el cuerpo.
 - *Modo cuerpo entero dinámico (whole-body dynamic)*: Se realiza un estudio de cuerpo entero, teniendo en cuenta distintos *frames*. Por tanto, ordenando adecuadamente las imágenes tomográficas correspondientes al mismo *frame* obtendremos cada una de las imágenes de cuerpo entero del sujeto (tantas como *frames*), en las que podremos ver la evolución en el tiempo de la distribución del radiofármaco a lo largo de todo el cuerpo del sujeto.
2. *Centrado de la muestra*: Hay distintas formas de centrar la muestra, en función del tipo de estudio que se va a realizar.

- **ESTUDIO DE UN PACIENTE:**

El software habilita en primer lugar el uso de un controlador manual o *handset* y del *láser* (instalados en el tomógrafo), para posteriormente colocar al sujeto en el campo de visión (*FOV*) de los detectores. En primer lugar el usuario, de forma manual, moverá la cama con el *handset* para seleccionar el área que desea escanear teniendo como referencia el *láser*, que le informará de la zona elegida en todo momento. Una vez el usuario esté de acuerdo con la posición elegida, el software moverá la cama hacia el *FOV* de ambos detectores.

- **ESTUDIO DE CALIBRACIÓN:**

En este caso, el software colocará directamente la cama de calibración en una posición determinada, que será introducida como parámetro de entrada al programa.

El software se encarga de acercar o alejar los detectores a la muestra una distancia fija, también introducida como parámetro de entrada al programa. Esta distancia es seleccionada por el usuario de la interfaz de adquisición y tiene un valor fijo para evitar posibles choques entre el detector y la cama al mover el anillo giratorio o *gantry*.

Una vez situada la muestra en la posición correcta, se generan imágenes por proyecciones (denominadas *scp_image.raw*) que se almacenan en un directorio específico del PC de control. Estas imágenes posteriormente se mostrarán al usuario de la interfaz de adquisición.

3. *Sensibilidad a señales software:*

Mediante la sensibilización al programa a ciertas señales software se consigue el grado de interacción necesario entre el usuario y la máquina. La forma básica de funcionamiento consiste en que la consola de usuario manda al software de adquisición de datos señales (como resultado de alguna interacción del usuario por ejemplo), y éste actúa en consecuencia. Las señales empleadas son las siguientes:

- **STOP** (Comando linux: *Killall -2 daq_SPECT*): Si el programa recibe esta señal se detiene la adquisición pero se generan los archivos de salida necesarios para dar coherencia a los datos adquiridos hasta el momento. Además se coloca el gantry en la posición inicial o de *home*.
- **ABORT** (*Killall -3 daq_SPECT*): Si el programa recibe esta señal, efectúa una parada inmediata del sistema y no se validan los datos adquiridos. El sistema mecánico queda en la posición en la que estuviera en ese momento. Sirve como parada de emergencia del sistema.
- **CENTER** (*Killall -10 daq_SPECT*): Al recibir esta señal, el programa desplaza la cama con la muestra hacia el campo de visión de ambos detectores una distancia fija. Sirve para centrar la zona que el usuario haya seleccionado con el láser en el centro del campo de visión.
- **START** (*Killall -12 daq_SPECT*): Esta señal implica comenzar con la adquisición de datos.

Estas señales son enviadas desde la interfaz de usuario al software de adquisición, tras pulsar los botones específicos en la ventana de adquisición mostrada al usuario. Se explica con más detalle en la sección 4.2.3 del documento.

4. *Archivos de entrada:*

Se trata de archivos que el software es capaz de aceptar y leer para la correcta configuración del sistema. Se definen los siguientes archivos de entrada:

- ***SPECT_params.txt***: Contiene todos los parámetros físicos de la máquina y variables relativas a la adquisición.
- ***pspect.txt***: Contiene los parámetros relativos a la configuración de los motores (sistema mecánico).
- ***archives.txt***: Contiene las rutas relativas de todos los ficheros de configuración. Esto proporciona una gran escalabilidad al software dado que el número de estos ficheros puede ir creciendo con el tiempo.
- ***collimators.txt***: Archivo donde se almacenan parámetros físicos de movimiento, que son variables por las diferencias en las dimensiones de cada tipo de colimador.
- ***isotopes.txt***: Archivo utilizado para ordenar los distintos isótopos, y los parámetros que llevan asociados, como por ejemplo el tiempo de vida medio o la posición del foto-pico.

5. *Parámetros de ejecución del daq_SPECT:*

La utilización del software de adquisición viene definida por los posibles parámetros de ejecución, según los cuales se realizan estudios tomográficos con diferentes características. Dichos parámetros son recogidos por la pantalla de adquisición desde la interfaz de usuario. Los parámetros disponibles se muestran en la Tabla 3.2:

Nº	Parámetro	Opción	Significado	Cotas y comentarios
1	Versión	-v	Muestra la versión actual del software daq_SPECT y sale del programa	La llamada es: -v
2	Nº de proyecciones (P)	-p	Número de proyecciones en cada barrido	1 → 1 proyección 2 → 60 proyecciones 3 → 120 proyecciones 4 → 180 proyecciones 5 → 270 proyecciones 6 → 360 proyecciones
3	Tiempo por proyección (T _p)	-q	Tiempo que se adquiere en cada proyección	Cualquiera
4	Posiciones de Cama (C)	-c	Número de posiciones de cama del estudio	1, 2,..., 6 camas
5	Solape entre camas	-o	Número de rodajas que se quiere solapar entre posiciones de cama consecutivas	2, 4, 6, 8, 10 rodajas
6	Nombre de isótopo	-h	Tipo de isótopo utilizado en el estudio	Ver archivo <i>isotopes.txt</i>
7	Frames (F)	-f	Número de frames del estudio	Número entero
8	Duración de frame (T _F)	-d	Duración en segundos de frame	Su cota mínima es: $T_F > P \cdot T_p \cdot C$
9	Acq_time (T _T)	-m	Tiempo total del estudio	Cualquiera (s)
10	Ángulo de barrido	-a	Grados que abarca un barrido	180° ó 360°
11	Eje mayor	-r	Eje mayor de la órbita elíptica (mm)	Paralelo: $15.5 < a < 61.5$ Pinhole: $1.0 < a < 39.0$
12	Eje menor	-s	Eje menor de la órbita elíptica (mm)	Ajustar en función del eje mayor
13	Colimador	-l	Tipo de colimador	0 → Paralelo 1 → Pinhole 2 → Sin colimador
14	init_angle	-i	Ángulo para hacer una sola proyección	Solo para p=1. 0° ó 90°
15	Posición inicial de cama	-b	Número de mm que se mueve la cama en caso de no usar el <i>handset</i>	$0 \dots \text{bed_stop_min} - (\text{n}^\circ \text{camas} - 1) \cdot \text{FOV}$

16	Nombre estudio	-n	Nombre base del estudio	Máx. de 255 caracteres
17	Generar proyecciones	-g	Genera adicionalmente al LIST, las proyecciones en tamaño de imagen de llenado de campo	1: proyecciones sin corregir Posteriormente estas proyecciones serán corregidas (uniformidad, ventana de energía)
18	Estudio calibración	-k	Realiza un estudio de calibración con una imagen de campo plano en una sola posición angular	Se activa escribiendo -k1
19	Ventana de energía	-w	Valor en porcentaje de la ventana de energía sobre el/los fotopicos	10%, 20%, 50%, 100% La ventana se escoge desde archives.txt al especificar el nombre del archivo de corrección de uniformidad
20	Factor de tamaño de píxel en la dirección y	-y	Factor para dividir el tamaño de pixel en super_resolución, en el eje del detector	1: tamaño original 2: tamaño mitad
21	Factor de tamaño de píxel en la dirección z	-z	Factor para dividir el tamaño de pixel en super_resolución, en el eje de la cama	1: tamaño original 2: tamaño mitad
22	Snap_acq	-j	Realiza una única adquisición en la posición en la que se encuentre el gantry y sale del programa	Cualquiera (s). Para que genere las proyecciones debe ir acompañado del argumento -g1

Tabla 3.2. *Parámetros del programa de adquisición.*

6. Archivos de salida:

El software es capaz de devolver una serie de archivos de salida como resultado del estudio realizado:

- **Archivos LIST:** Contienen los datos captados por el detector en los estudios realizados y la información de sincronismo necesaria para su ordenación y posterior reconstrucción.
- **Archivo ACQ:** contiene todos los datos de la adquisición necesarios para dar coherencia al resto de archivos generados (en modo lista). Entre otras cosas contiene la información necesaria para localizar los ficheros que se utilizaron en la adquisición así como los necesarios para aplicar las correcciones pertinentes en la reconstrucción y el tipo de colimador e isótopo utilizado.
- **Archivos RAW:** Es el formato de las proyecciones individuales, se generan de forma opcional, porque podrían llegar a ocupar mucho espacio.

- **Archivo LOG:** Es un archivo que se sobrescribe durante el proceso de adquisición y que sirve para mantener informado al usuario de la evolución del estudio. Este archivo se lee de forma periódica desde la interfaz de usuario, que a su vez, se encarga de mostrar la información contenida en el mismo al usuario.

7. Árbol de directorios:

La existencia de archivos de entrada y salida hace necesaria la especificación de un árbol de directorios para su correcta localización por parte de los programas que hacen uso de ellos o los generan.

Todos los archivos de interés se guardan en el directorio SPECT dentro la máquina Linux, el cual contendrá:

- Los archivos de entrada: *pspect.txt*, *SPECT_params.txt*, *collimators.txt*, *isotopes.txt*, *archives.txt*.
- El programa de adquisición *daq_SPECT* y un *script* llamado *daq_SPECT_only* que llama al anterior y que garantiza la ejecución del programa siempre en las mismas condiciones.
- Un archivo *leeme.txt* con el control de versiones del desarrollo *software*.
- Archivos de correcciones: *offsets.crc*, *uniformity.sns*, *alignment.cor*, *luts*.
- Un directorio llamado **CURRENT_SPECT**, que tiene todos los datos del último estudio tomográfico realizado:
 - Los archivos de salida: *.log*, *.slt*, *.acq*, *scp_image.raw*, *proj_report.txt*, que son los archivos que genera el software *daq_SPECT* tras un proceso de adquisición.
 - Una copia de los archivos de entrada usados en la configuración del sistema porque pueden ser útiles en el procesado posterior.
 - Un directorio **SPECT_PROY** en el que se almacenan únicamente archivos de proyecciones *.raw*, los cuales se generan de forma opcional.
 - Un directorio **LIST_FILES** donde se almacenan los archivos en modo lista (extensión *.slt*) que se generan durante el estudio.
 - Un directorio **CORRECTION_FILES** donde están los ficheros de corrección de uniformidad, de centro de rotación y luts seleccionados en el fichero *archives.txt*. Serán utilizados posteriormente en el proceso de aplicación de correcciones.

- Un directorio llamado **PREVIOUS_SPECT**, que sirve de carpeta de “recuperación” del penúltimo estudio realizado. Esto es porque cada vez que se ejecuta una adquisición el contenido de **CURRENT_SPECT** se sobrescribe y hay que proteger los datos ante el posible descuido del usuario de no haber guardado previamente el último estudio.
- Un directorio denominado **MOTOR_CONF_FILES**, que contiene los archivos que permiten configurar la caja de los motores.

En la siguiente tabla se resume el árbol de directorios descrito:

S
P
E
C
T

CURRENT_SPECT	SPECT_PROY	Archivos de proyecciones .raw
	LIST_FILES	Archivos *.slt
	CORRECTION_FILES	Luts, cor y uniformity
	Archivos *.log, *.acq, scp_image.raw, proj_report.txt, ejes.txt	
	pspect.txt, SPECT_params.txt, collimators.txt, isotopes.txt	
PREVIOUS_SPECT	SPECT_PROY	Archivos de proyecciones .raw
	LIST_FILES	Archivos *.slt
	CORRECTION_FILES	Luts, cor y uniformity
	Archivos *.log, *.acq, scp_image.raw, proj_report.txt, ejes.txt	
	pspect.txt, SPECT_params.txt, collimators.txt, isotopes.txt	
MOTOR_CONF_FILES	Archivos que configuran la caja de los motores *.t.zip	
pspect.txt		
SPECT_params.txt		
collimators.txt		
isotopes.txt		
archives.txt		
leeme.txt		
daq_SPECT		
daq_SPECT_only		
offsets_ventana__dia_mes _año.crc		
luts		
uniformity_v(ventana)_d (detector)__(fecha).sns		
Alignment_d12__(fecha) .cor		

Tabla 3.3. Árbol de directorios para la adquisición de datos.

3.2.2. *ESPECIFICACIONES FUNCIONALES Y CRITERIOS DE DISEÑO DE LA INTERFAZ DE USUARIO*

El tomógrafo FSPECT requiere de una interfaz *fácil* de manejar, *intuitiva*, *amigable* para el usuario y *robusta* frente a posibles errores.

Esta herramienta se ha diseñado para permitir al usuario realizar de forma sencilla la *adquisición* de distintos tipos de estudios: **estáticos**, **dinámicos**, **cuerpo entero** o **cuerpo entero dinámico** y la *reconstrucción* de las imágenes correspondientes a los mismos.

A continuación, pasamos a describir las especificaciones funcionales de cada una de las partes que componen esta interfaz de usuario:

- La ***interfaz de adquisición***: Se encarga de calcular los parámetros necesarios para lanzar el programa de adquisición y control (en el PC de control) a partir de los parámetros introducidos por el usuario en la ventana de adquisición correspondiente. A su vez, permite mediante el manejo del *handset* y el láser, centrar el área de interés del sujeto bajo estudio en el campo de visión de los detectores mediante un proceso de centrado interactivo.
Por otra parte, esta herramienta proporciona las utilidades necesarias para dar control al usuario durante la adquisición (permite comenzar, abortar o finalizar la misma) y es capaz de traer al PC de usuario de forma automática los datos generados en el PC de control tras la adquisición.
- La ***interfaz de reconstrucción***: Se encarga de procesar las proyecciones generadas en la adquisición, aplicar las correcciones seleccionadas por el usuario y lanzar los programas encargados de reconstruir las imágenes objetivo y mostrarlas por pantalla. Además, sobre estas imágenes, podrá realizar un post-filtrado adicional.

3.2.3. *DESCRIPCIÓN DE ARCHIVOS DESTACADOS*

A continuación se describen los ficheros más importantes generados por el programa de adquisición:

FICHERO.ACQ

Se genera una vez acaba o se finaliza voluntariamente la adquisición de datos, en el directorio reservado para la generación de ficheros en la máquina Linux (directorio *CURRENT_SPECT* colgando de donde se empieza el programa de adquisición). Este fichero contiene toda la información necesaria para localizar los ficheros que se generaron en la adquisición así como los datos necesarios para aplicar las correcciones pertinentes en la reconstrucción. Se trata de un archivo legible en ASCII, que consta exactamente de los siguientes campos:

NOMBRE_ADQUISICION

dd/mm/yyyy hh:mm:ss

[acquisition]

calibration_study=int

gen_projections=int

projections=int

time_per_proj=int

fixed_spin_angle=long

slices_overlap=int

bed_positions=int

init_bed_pos=float

init_detector_pos=float

timed_frames=int

num_files=int

total_time=int

base_filename="string"

pixel_size_y=int

pixel_size_z=int

a=int

b=int

[calibration]

collimator=int

tube_model=int

energy_channels=int

num_detectors=int

det1=int

det2=int

det3=-

det4=-

matrix_size=int

num_xtals=int

angle_btwn_detectors=int

file_offsets=string

file_uniformity=string

file_alignments=string

file_LUTs=string

[isotope]

isotope_name=string

photopeak=int

halflife=float

[log]

string

Las secciones en las que se subdivide el fichero son: ***cabecera***, ***[acquisition]***, ***[calibration]***, ***[isotope]*** y ***[log]***. A continuación se detalla el significado de los parámetros presentes en cada una de ellas:

- **Cabecera:** Contiene el *NOMBRE_ADQUISICIÓN* que es el nombre dado por el usuario a todo el estudio, seguido de la fecha y hora de realización del mismo.
- **[acquisition]:** Consta de los siguientes campos:
 - *calibration_study*: Indica si se trata de un estudio de calibración (si su valor es 1) o es una adquisición normal (si su valor es 0).
 - *gen_projections*: Indica si, además del fichero .slt, se han generado las proyecciones individuales en formato .raw al realizar la adquisición.:
 - *gen_projections=0*: Indica que no se han generado proyecciones individuales.
 - *gen_projections=1*: Indica que se han generado proyecciones sin aplicar ningún archivo de corrección.
 - *projections*: Número de posiciones angulares que va a tomar el detector al hacer un barrido completo.
 - *time_per_projection*: Tiempo de adquisición asignado a cada proyección, expresado en segundos.
 - *fixed_spin_angle*: Recorrido angular cubierto por un barrido completo, expresado en grados.
 - *slices_overlap*: Número de rodajas (de grosor igual al tamaño de píxel) que se solapan entre posiciones de cama consecutivas.
 - *bed_positions*: Número de posiciones de cama exploradas en el estudio. Cada posición de cama dará lugar a un archivo .slt diferente.
 - *init_bed_pos*: Este número representa la distancia en mm. entre la posición de home y la posición inicial de la cama cuando comenzó la adquisición.
 - *init_detector_pos*: Este número representa la distancia en mm entre la posición de home y la posición inicial de los detectores en la dirección X cuando comenzó la adquisición.
 - *timed_frames*: Número de sectores temporales (frames) en que se divide la adquisición (mayor que 1 en un estudio dinámico, e igual a 1 en uno estático). Para cada frame se genera un fichero .slt independiente.

- *num_files*: El número de ficheros .slt que componen el estudio completo. Sólo se cuentan en este campo los que han sido correctamente generados.
- *total_time*: Duración total del estudio en segundos.
- *base_filename*: Afijo (entrecomillado) que determina los nombres de todos los ficheros .slt generados, que se encuentran en el mismo directorio que el fichero .ACQ, y cuyos nombres serán *base_filename_N_M.slt* donde N codifica la *bed_position* y varía entre 1 y *bed_positions*, y M codifica el frame y varía entre 1 y *timed_frames*.
- *pixel_size_y**: Tamaño de píxel, en la dirección Y.
- *pixel_size_z**: Tamaño de píxel, en la dirección Z.
- *a**: Eje mayor de la órbita elíptica o radio de la órbita circular.
- *b**: Eje menor de la órbita elíptica. En caso de órbita circular, como es nuestro caso, este valor coincide con 'a'.
- **[calibration]**: Formado por:
 - *collimator*: Número que indica el tipo de colimador. Podrá tomar dichos valores:
 - *collimator* = 0: paralelo
 - *collimator* = 1: pinhole
 - *tube_model*: Indica el modelo del tubo fotomultiplicador montado en los detectores.
 - *num_detectors*: Número de tubos detectores conectados en la máquina.
 - *det1*: Identificador de cabecera de ADC empleado para el detector 1.
 - *det2*: Identificador de cabecera de ADC empleado para el detector 2.
 - *det3*: Identificador de cabecera de ADC empleado para el detector 3.
 - *det4*: Identificador de cabecera de ADC empleado para el detector 4.

En caso de no estar conectado alguno de los posibles detectores, se expresará con el carácter '-'.

* Estos parámetros del fichero. ACQ son legado de versiones anteriores al prototipo FSPECT.

- *matrix_size*: Tamaño de las proyecciones generadas en píxeles.
- *num_xtals*: número de cristales que componen los detectores. Se supone una matriz cuadrada de *num_xtals* x *num_xtals*.
- *angle_btwn_detectors*: Ángulo entre los detectores, medido en grados.
- *file_offsets*: Fichero de offsets (ya aplicado) en la generación tanto del modo LIST como de proyecciones. Disponible sólo con fines de depuración de errores.
- *file_uniformity*: Nombres de los ficheros de corrección de sensibilidad separados por comas.
- *file_alignments*: Fichero donde se almacenan los desalineamientos de los detectores con respecto al centro de rotación.
- *file_LUTs*: Nombres de los ficheros de asignación de cristales correspondientes a cada uno de los detectores, separados por comas.
- **[isotope]** : Consta de los siguientes campos:
 - *isotope_name*: Nombre en ASCII que identifica el isótopo usado, mediante la concatenación de su abreviatura estándar seguida de su número másico.
 - *photopeak*: Valor del canal de energía del fotopico característico del isótopo utilizado.
 - *halflife*: Vida media del isótopo utilizado expresada en segundos.
- **[log]** : La primera línea será:
 - “*SPECT acquisition finishe OK.*” Si no se ha producido ninguna incidencia durante la adquisición y el proceso ha terminado correctamente.
 - “*SPECT acquisition finished. Acquisition was STOPPED by user.*” Si se ha detenido el proceso de adquisición desde la interfaz pulsando el botón de END o el botón de ABORT.
 - “*SPECT acquisition finished. Acquisition was aborted by program, LOW COUNT RATE.*” Si se ha detenido la adquisición al haber detectado una tasa de conteo excesivamente baja.
 - “*SPECT acquisition finished. Acquisition was aborted by program, MAX_FILE_SIZE*”. Si se ha detenido la adquisición al haber detectado que el archivo LIST en curso está a punto de sobrepasar el tamaño máximo permisible (2 GB).

FICHERO ACQ_INFO.LOG

Se crea y sobrescribe durante la ejecución del software de adquisición en un directorio específico del PC de control. Este fichero contiene parámetros de la adquisición, entre los que destacamos el denominado *state* porque almacena el estado en el que se encuentra la adquisición y de él depende la interfaz de usuario. Mediante la lectura periódica de este fichero (cada 5 segundos), la interfaz conoce dicho estado.

Este fichero consta de los siguientes valores separados por un carácter “;” (punto y coma):

1. **Elapsed time (sg):** Tiempo de adquisición transcurrido.
2. **State:** Flag que toma los siguientes valores según corresponda:
 - *STATE=0*: Indica que el sistema está cargando archivos de configuración y situando la cama en una posición que ha sido definida como inicial denominada posición de *home*.
 - *STATE=1*: Implica que el sistema está colocando los detectores y el anillo giratorio según los parámetros introducidos.
 - *STATE=2*: Significa que el sistema ha colocado los ejes en posición.
 - *STATE=3*: Indica que la cama está en la posición correcta.
 - *STATE=4*: Implica que la adquisición comienza.
 - *STATE=5*: Significa que los archivos generados en la adquisición se encuentran en la carpeta correspondiente (*CURRENT_SPECT*) del PC de control.
 - *STATE=6*: Indica que la máquina ha vuelto a la posición inicial de *home* y la adquisición ha finalizado correctamente.
 - *STATE=11*: Indica que los parámetros de ejecución con los que ha sido llamado el programa de adquisición no son los correctos.
 - *STATE=13*: Implica errores en el sistema mecánico.
 - *STATE= 14*: Indica errores en la lectura de los ficheros de configuración de entrada o en la escritura de los ficheros de salida.
 - *STATE=15*: Significa que hay errores en la comunicación con el sistema de detección.
3. **Count rate:** Tasa de conteo instantánea en cuentas por segundo.
4. **Current_bed:** Número de posición de cama actual. Empieza a numerar desde 1.
5. **Current frame:** Número de *frame* actual. Empieza a numerar desde 1.
6. **Projection:** Número absoluto de proyección. Su rango va desde 1 hasta el número total de proyecciones que tendrá un estudio teniendo en cuenta todos los *frames*, camas y barridos que hace.

7. **Angular_pos**: Indica la posición angular en la que se encuentra el anillo. Su rango va desde 0 hasta el número de posiciones angulares menos uno que se hayan introducido por línea de comandos.

Este fichero sólo contiene una línea que se irá rescribiendo continuamente. La interfaz de usuario leerá periódicamente este archivo y representa sus valores en la ventana apropiada durante el proceso de adquisición.

Ejemplo de fichero:

```
elapsed_time=33; state=4; count_rate=0.000000; current_bed=1;
current_frame=1; projection=13; angular_pos=39
```

Por tanto, dependiendo del estado de la adquisición, la interfaz de usuario actualiza la ventana mostrada al usuario y las funcionalidades permitidas en cada uno de esos estados. Es decir, se muestran distintos mensajes informativos y se habilitan o no ciertos botones de la ventana de adquisición. El flujo de funcionamiento de la interfaz de usuario descrito en la sección 4.2.3, se basa en la lectura de este parámetro.

FICHERO CONFIGFILE_SPECT.TXT

Se almacena en un directorio específico del equipo local y contiene parámetros fijos que se utilizan continuamente en el software de la interfaz de usuario y de la interfaz de calibración, desarrollado para el FSPECT. La creación de este fichero surge para cumplir uno de los requerimientos principales de dicho software: *independencia* de la máquina. Por tanto, los valores fijos, que no quieren ser introducidos directamente en el código se almacenan en este fichero. Si alguno de estos parámetros cambia su valor, sólo se modificará este fichero y la aplicación funcionará correctamente.

Al arrancar la herramienta desarrollada, la interfaz de usuario lee este fichero y almacena internamente todos los valores, que son utilizados a lo largo de la ejecución del programa.

De todos los parámetros almacenados en este fichero destacamos: **paths del PC de usuario** (como son el path desde donde se arranca la aplicación FSPECT y el path reservado para almacenar las nuevas adquisiciones realizadas), **path** relacionado con el **PC de control** donde se almacena el software de adquisición y control, dirección **IP** y **usuario** de dicho ordenador, el **nombre** del software de adquisición y control que la interfaz de adquisición va a lanzar, **información** sobre las **imágenes** que captan los detectores una vez se haya centrado la muestra en el campo de visión de los detectores (nombre de las imágenes, tipo de datos almacenados), **parámetros** necesarios para la **reconstrucción de imagen** utilizando los algoritmos *2D FBP* (tamaño de píxel de la imagen reconstruida), *2D OSEM* (nombre del programa utilizado para generar la matriz del sistema, nombre del programa de reconstrucción 2D OSEM, path donde se almacena la matriz del sistema generada por la aplicación de reconstrucción, path donde se

almacenan las proyecciones corregidas que van a utilizarse como entrada de este programa, path donde están almacenados los programas que se van a utilizar en la reconstrucción, el tamaño de píxel de la imagen reconstruida) y *3D OSEM* (al igual que para el caso de la reconstrucción 2D OSEM destacamos el nombre del programa utilizado para generar la matriz del sistema, nombre del programa de reconstrucción 3D OSEM, path donde se almacena la matriz del sistema generada, path donde se almacenan las proyecciones corregidas que van a utilizarse como entrada de este programa, el tamaño de píxel de la imagen reconstruida, el número de rodajas de la imagen reconstruida y parámetros específicos del colimador pinhole con el que se han adquirido los datos como son el diámetro del foco y el tamaño del cono).

3.2.4. *DIAGRAMA DE ESTADOS DEL DAQ_SPECT*

El software de adquisición y control pasa de forma secuencial por el conjunto de estados que mostramos a continuación. Estos estados son los que el *daq_SPECT* va reescribiendo continuamente en el campo *state* del fichero *acq_info.log* (sección 3.2.3).

Para poder ejecutar el *daq_SPECT*, éste debe recibir ciertas señales software (descritas anteriormente en la sección 3.2.1) procedentes de la interfaz de usuario (pulsando los botones correspondientes en la ventana de adquisición) en determinados estados, para poder continuar con el flujo principal del programa. A continuación se explica lo que implica cada uno de los estados mostrados en la Figura 3.7.

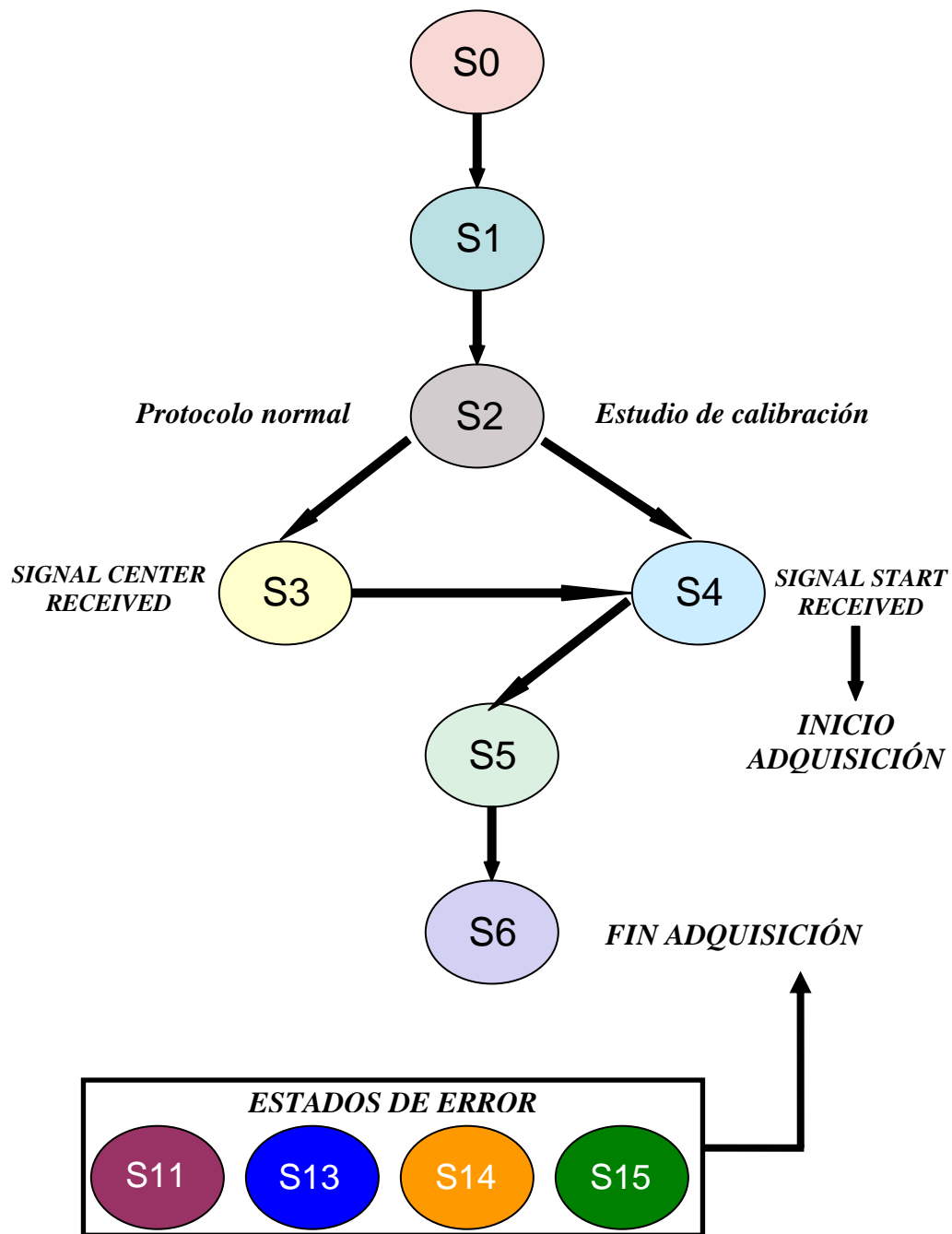


Figura 3.7. Diagrama de estados del software de adquisición.

EXPLICACIÓN DE LOS ESTADOS DEL DAQ_SPECT

A continuación describimos el significado de cada uno de los estados del software de adquisición.

- *ESTADO 0:*

El sistema está cargando los archivos de configuración necesarios y moviendo los ejes de movimiento a una posición inicial, que servirá como referencia al tomógrafo (denominada posición de *home*). Una vez finalizadas estas tareas, el sistema cambia de estado.

- *ESTADO 1:*

El sistema que ya está en la posición inicial de *home*, pasa a colocar los detectores y el anillo según los parámetros de entrada introducidos. Una vez colocados estos elementos mecánicos en la posición correcta, el sistema cambia de estado.

- *ESTADO 2:*

El sistema habilita el controlador manual (o *handset*) y el láser para realizar el centrado de la muestra. Por tanto, el sistema espera que el usuario mueva la cama con el handset para seleccionar el área que desea escanear, teniendo como referencia el láser instalado en el tomógrafo.

En el caso de un estudio de calibración, el sistema mueve directamente la cama hacia el campo de visión de los detectores una distancia definida por uno de los parámetros de entrada (Ver Tabla 3.2).

- *ESTADO 3:*

El sistema ha recibido la señal de **CENTER**, que implica desplazar la cama hacia el campo de visión de los detectores una distancia fija, y la cama se encuentra en la posición correcta.

Este estado no existe en el caso de calibración, ya que la muestra será centrada directamente por el sistema al FOV de los detectores.

- *ESTADO 4:*

El sistema ha recibido la señal de **START** y el tomógrafo está adquiriendo datos.

- *ESTADO 5:*

Los archivos generados en la adquisición se encuentran en la carpeta correspondiente */home/lacayo/SPECT/CURRENT_SPECT*.

- *ESTADO 6:*

La máquina ha vuelto a la posición inicial de *home* y la adquisición ha finalizado correctamente.

Los estados de error, implican fin de la adquisición sin volver a la posición inicial o *home*. Estos estados aparecen:

- *ESTADO 11:*
Indican que los parámetros de ejecución del programa de adquisición no son los correctos.
- *ESTADO 13:*
Implica errores en el sistema mecánico.
- *ESTADO 14:*
Indica errores en la lectura de los ficheros de configuración de entrada o en la escritura de los ficheros de salida que se generan en la adquisición.
- *ESTADO 15:*
Significa que hay errores en la comunicación con el sistema de detección.

Cada vez que hay un cambio de estado, el `daq_SPECT` reescribe el fichero *acq_info.log*.

CAPÍTULO 4

En este capítulo se describe el software desarrollado en este proyecto. La aplicación desarrollada consiste en dos grandes líneas una denominada interfaz de adquisición de datos y la otra interfaz de reconstrucción de imagen.

En primer lugar, se citan las herramientas y lenguajes empleados para llevar a cabo este trabajo. A continuación, se describen detalladamente cada una de las interfaces implementadas y por último se explica la utilización de las mismas.

4. DESARROLLO DE LA APLICACIÓN

4.1. HERRAMIENTAS Y LENGUAJES EMPLEADOS

Para la elaboración de este proyecto se ha utilizado el lenguaje de programación IDL (*Interface Data Language*), herramienta software orientada al procesado de imágenes médicas, al análisis matricial de datos y a la creación de aplicaciones interactivas con el usuario. Integra un potente lenguaje de programación parcialmente orientado a objetos y numerosas técnicas de análisis numérico y representación gráfica a un alto nivel, lo que permite el desarrollo de programas muy complejos de forma relativamente sencilla[22, 23].

El principal motivo para la elección de esta herramienta es su orientación al procesado de imágenes, la posibilidad de emplear rutinas escritas en otros lenguajes de programación y el funcionamiento en distintos sistemas operativos.

Para la implementación de la aplicación desarrollada y para la realización de las pruebas de la misma se han utilizado dos ordenadores, que hemos denominado a lo largo de este documento PC de control (S.O. Linux) y PC de usuario (S.O. Windows XP).

Para comunicar ambas máquinas se han empleado los protocolos:

- **SSH**[24]: Se ha utilizado para poder lanzar programas y enviar señales software desde el PC de usuario en el PC de control
- **FTP** (*File Transfer Protocol*) para la transferencia de archivos, desde el PC de usuario (equipo *cliente*) al PC de control (equipo *servidor*) y viceversa.

Para validar el correcto funcionamiento de la interfaz de usuario de adquisición se ha usado al principio una versión de prueba del *software de adquisición y control* del tomógrafo (daq_SPECT) y el propio tomógrafo FSPECT con versiones de software subsecuentes.

Se han utilizado datos obtenidos con una versión previa al prototipo FSPECT (archivos en modo lista) y ficheros de corrección generados por la interfaz de calibración desarrollada para este tomógrafo[25] para validar la interfaz de reconstrucción de imágenes.

Se han utilizado a su vez subrutinas programadas previamente o desarrolladas en líneas adicionales de trabajo realizadas por otras personas:

- Código en IDL que permite convertir archivos en modo lista a proyecciones (necesario en la interfaz de reconstrucción de imágenes) y el algoritmo de reconstrucción analítica (FBP). Desarrollados en proyectos previos en el Laboratorio de Imagen Médica del Hospital Gregorio Marañón.
- Algoritmos de reconstrucción iterativos implementados en lenguaje C, por personal de la Unidad de Biofísica y Bioingeniería de la Universidad de Barcelona-IDIBAPS.

4.2. INTERFAZ DEL SISTEMA DE ADQUISICIÓN DE DATOS

En este apartado se describe el software implementado para llevar a cabo la interfaz con el software de adquisición de datos. Además se explican los protocolos de comunicación entre el PC de usuario y el PC de control.

4.2.1. COMUNICACIÓN ENTRE EL PC DE USUARIO Y EL PC DE CONTROL

El PC de usuario es el que ejecuta la interfaz de adquisición implementada. Dicha interfaz se encarga de:

1. Comprobar si hay alguna adquisición en curso antes de lanzar una nueva adquisición y en caso afirmativo, eliminarla.
2. Recoger los parámetros necesarios para lanzar el programa de adquisición a partir de los parámetros introducidos por el usuario.
3. Centrar el área de interés del sujeto bajo estudio en el campo de visión de los detectores mediante un proceso de centrado interactivo (si no se trata de un estudio de calibración).
4. Dar el control al usuario durante la adquisición (permite comenzar, abortar o finalizar la misma).
5. Traer al PC de usuario de forma automática los datos generados en el PC de control tras la adquisición.

La comunicación entre ambos equipos se realiza vía Ethernet mediante un programa de control remoto denominado **connect.exe**, almacenado en el PC de usuario y que se utiliza para poder ejecutar un comando o una serie de comandos en el PC de control (Figura 4.1). Es un simple emulador de un terminal (SSH para las plataformas Unix y Windows), donde ejecutamos los comandos necesarios para enviar órdenes al PC de control.

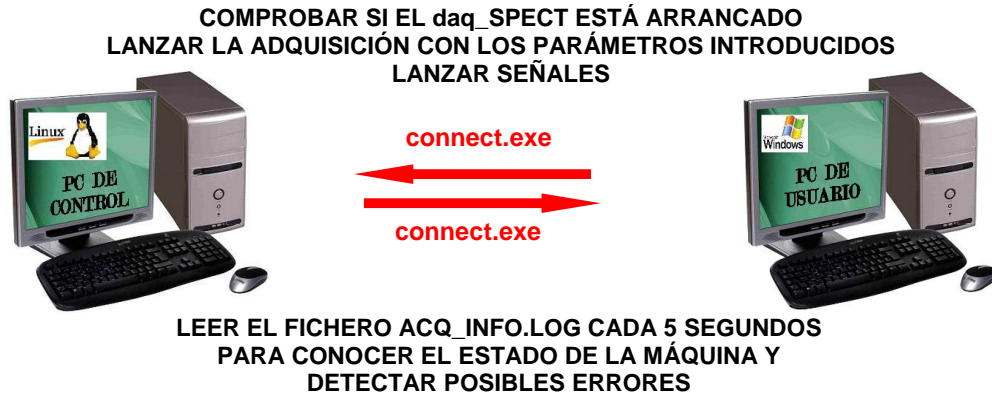


Figura 4.1. Comunicación entre ambos equipos usando el programa *connect.exe*.

Para llamar a este programa, bastará con realizar una llamada a un procedimiento definido en IDL, denominado SPAWN, con unos parámetros específicos que describimos a continuación y que mostramos en la Figura 4.2:

- Path en la que se encuentra almacenado el programa *connect.exe*.
- Contraseña del PC de control.
- Dirección IP del PC de control.
- Usuario del PC de control.
- Comando que se quiere ejecutar en el PC de control.

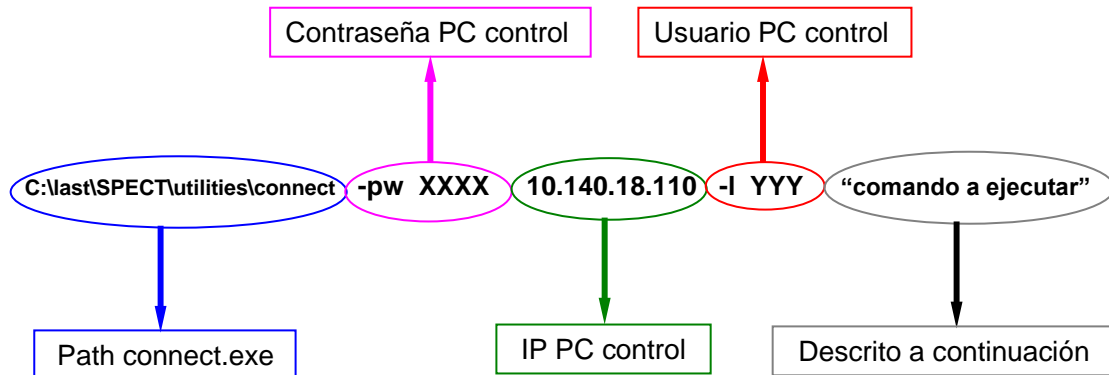


Figura 4.2. Línea de comandos enviada desde la interfaz de adquisición para ejecutar un determinado comando en el PC de control.

Por ejemplo, el PC de usuario al arrancar la aplicación comprueba si ya existe algún programa de adquisición de datos (daq_SPECT) arrancado en el PC de control. Para ello, la línea que la interfaz de usuario manda ejecutar usando el procedimiento SPAWN en este caso es:

```
C:\last\SPECT\utilities\connect -pw XXX 10.140.18.110 -l YYY "ps ax | grep daq_SPECT"
```

Por tanto, se ejecutará el comando **"ps ax | grep daq_SPECT"** en el PC de dirección IP 10.140.18.110 (PC de control) con usuario YYY y contraseña XXX, gracias a la conexión realizada por el programa connect.exe entre ambos equipos.

Los parámetros `-pw` y `-l` son específicos del programa connect.exe e indican:

- `-l` que la conexión se realiza con el usuario YYY.
- `-pw` indica la contraseña del PC de control (XXX).

También podremos utilizar el resto de parámetros mostrados en la Figura 4.3:

```
C:\last\utilities>connect
PuTTY Link: command-line connection utility
Release 0.54
Usage: plink [options] [user@]host [command]
        ("host" can also be a PuTTY saved session name)
Options:
  -v          show verbose messages
  -load sessname Load settings from saved session
  -ssh -telnet -rlogin -raw
               force use of a particular protocol (default SSH)
  -P port     connect to specified port
  -l user     connect with specified username
  -m file     read remote command(s) from file
  -batch      disable all interactive prompts
The following options only apply to SSH connections:
  -pw passw   login with specified password
  -D [listen-IP:]listen-port
               Dynamic SOCKS-based port forwarding
  -L [listen-IP:]listen-port:host:port
               Forward local port to remote address
  -R [listen-IP:]listen-port:host:port
               Forward remote port to local address
  -X -x       enable / disable X11 forwarding
  -A -a       enable / disable agent forwarding
  -t -T       enable / disable pty allocation
  -1 -2       force use of particular protocol version
  -C          enable compression
  -i key      private key file for authentication
  -s          remote command is an SSH subsystem (SSH-2 only)
```

Figura 4.3. Parámetros disponibles en el programa connect.exe.

Al lanzar la adquisición y las señales correspondientes lo único que cambia es el comando que se quiere ejecutar. A lo largo de la sección 4.2.3 lo explicaremos detalladamente.

Antes de empezar a leer el fichero *acq_info.log*, la interfaz de usuario se asegura de que el proceso *daq_SPECT* sigue en ejecución en el PC de control. Para ello, la línea que la interfaz de usuario manda ejecutar usando el procedimiento SPAWN es:

C:\last\SPECT\utilities\connect -pw XXX 10.140.18.110 -l YYYY " ps -C daq_SPECT_only "

Este procedimiento devolverá entre otros parámetros el PID (identificador de proceso en el sistema operativo) del proceso lanzado anteriormente al lanzar la adquisición. En este caso el PID=1403.

PID	TTY	TIME	CMD
1403	?	00:00:00	daq_SPECT_only

Tabla 4.1. Valores obtenidos tras ejecutar el comando “*ps -C daq_SPECT_only*” en el PC de control.

Una vez conocido este identificador, la interfaz de usuario sabe que el fichero *acq_info.log* ha sido creado por el proceso que acaba de lanzar y puede comenzar su lectura, para ello, se volverá a usar el programa *connect.exe* para realizar la conexión equipo local-equipo remoto. El comando a ejecutar en este caso es un script linux:

```
"while ;; do echo -ne + `date +%N`::: ;
salida_tail=$(tail -n1 /home/lacayo/SPECT/CURRENT_SPECT/acq_info.log);
echo -n $salida_tail;
salida_ps=$(ps h -p 1403 -o :::%c);
if [ \"0$salida_ps\" = \"0\" ]; then salida_ps=$(echo :::); fi;
echo $salida_ps + ;
sleep 0.7; done"
```

Lo que hacemos es añadir a la línea leída del fichero *acq_info.log* unos caracteres especiales para encapsular la información y así poder detectar de forma sencilla errores de ejecución o en la comunicación entre el PC de control y el PC de usuario.

Esta línea será redirigida a un fichero temporal denominado *conn.tmp*, situado en el directorio C:\last\SPECT\log\ del PC de usuario, usando:

Línea_acq_info.log+caracteres_especiales > conn.tmp

En la Tabla 4.2 se muestra un ejemplo de ambos ficheros:

ACQ_INFO.LOG	CONN.TMP
<code>elapsed_time= 0; state=2; count_rate=0.000000; current_bed=0; current_frame=0; projection= 0; angular_pos= 0;</code>	<code>+ 008960467:::elapsed_time= 0; state=2; count_rate=0.000000; current_bed=0; current_frame=0; projection= 0; angular_pos= 0;:::daq_SPECT_only +</code>

Tabla 4.2. Comparación de los ficheros *acq_info.log* y *conn.tmp*.

La interfaz de adquisición irá leyendo este fichero cada 5 segundos, para conocer el estado por el que se encuentra la máquina e ir actualizando las ventanas que se van mostrando al usuario de la aplicación.

4.2.2. UTILIZACIÓN DEL PROTOCOLO FTP

La interfaz de usuario utiliza el protocolo FTP para la transferencia de archivos entre el *PC de usuario* (cliente) y el *PC de control* (servidor) en ambos sentidos de la comunicación (Figura 4.4).

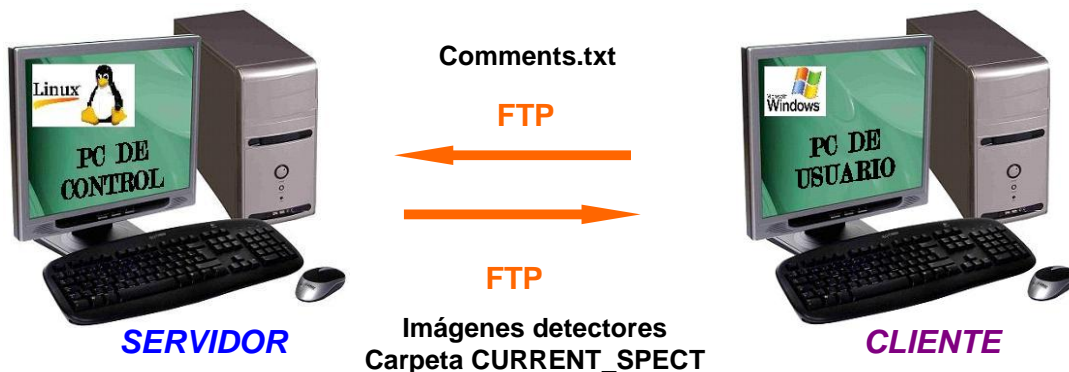


Figura 4.4. Transferencia de archivos en ambos sentidos, usando el protocolo FTP.

En este caso, también utilizaremos el procedimiento SPAWN de IDL para poder ejecutar comandos en un equipo remoto e iniciar la transferencia de archivos.

De entre todos los parámetros de los que dispone el protocolo FTP (Figura 4.5), sólo usaremos los mostrados en la Figura 4.6.

```

C:\last>ftp --
Transfers files to and from a computer running an FTP server service
(sometimes called a daemon). Ftp can be used interactively.

FTP [-v] [-d] [-i] [-n] [-g] [-s:filename] [-a] [-A] [-x:sendbuffer] [-r:recvbuf
fer] [-b:asyncbuffers] [-w:window size] [host]

-v          Suppresses display of remote server responses.
-n          Suppresses auto-login upon initial connection.
-i          Turns off interactive prompting during multiple file
transfers.
-d          Enables debugging.
-g          Disables filename globbing (see GLOB command).
-s:filename Specifies a text file containing FTP commands; the
commands will automatically run after FTP starts.
-a          Use any local interface when binding data connection.
-A          login as anonymous.
-x:send sockbuf Overrides the default SO_SNDBUF size of 8192.
-r:recv sockbuf Overrides the default SO_RCVBUF size of 8192.
-b:async count Overrides the default async count of 3
-w:buffer size Overrides the default transfer buffer size of 65535.
host        Specifies the host name or IP address of the remote
host to connect to.

Notes:
- mget and mput commands take y/n/q for yes/no/quit.
- Use Control-C to abort commands.

```

Figura 4.5. *Parámetros disponibles en el protocolo FTP.*

Este es el comando que usaremos:

FTP **[-n]** **[-i]** **[-s: nombre fichero]** **[Host]**

- **FTP**: Permite conectarse a otra máquina a través del protocolo FTP para transferir archivos.
- **[-n]**: Suprime el acceso automático en la conexión inicial.
- **[-i]**: Apaga los mensajes interactivos durante la transferencia de múltiples ficheros.
- **[-s]: nombre fichero**: Especifica el nombre del fichero de texto que contiene los comandos FTP que se ejecutarán tras iniciar la conexión.
- **[Host]**: Especifica el nombre del equipo o la dirección IP del equipo remoto con el que se va a establecer la comunicación. En este caso, la dirección IP del PC de control es *10.140.18.110*.

Por ejemplo, esta es la línea que enviamos de forma habitual:

ftp **-n** **-i** **-s: nombre fichero** **10.140.18.110**

Figura 4.7. *Ejemplo de línea de parámetros utilizada para subir/descargar ficheros.*

Donde el nombre de fichero, es el script que contiene los comandos que van a ejecutarse en la sesión FTP que va a ser iniciada.

Este fichero denominado *ftp_temp* cambiará sus comandos dependiendo de si queremos subir un fichero al PC de control o descargar un fichero al PC de usuario, por tanto pasamos a describirlos en la siguiente tabla:

COMANDO	SIGNIFICADO
user	<i>Inicio de sesión con el usuario especificado</i>
bin o binary	<i>Configuración de la transmisión de archivos tipo binario</i>
cd	<i>Cambiar de directorio en el servidor remoto</i>
lcd	<i>Cambiar de directorio en el servidor local</i>
put	<i>Enviar un archivo al sistema remoto</i>
mget	<i>Recibir varios archivos del servidor remoto</i>
bye	<i>Finalización de la sesión FTP</i>

Tabla 4.3 Comandos FTP utilizados y su significado.

- **SUBIDA DE FICHEROS AL SERVIDOR**

El objetivo en este caso es *subir* el fichero denominado *comments.txt*, almacenado en el PC de usuario al *PC de control*.

En este caso el script denominado *ftp_temp* contendrá las siguientes sentencias a ejecutar:

```

USER YYY
XXX
bin
cd /home/lacayo/SPECT/CURRENT_SPECT/
lcd C:\last\SPECT\USERS\IMAGES\ACQ1
put comments.txt
bye

```

Que implica:

1. Inicio de la sesión FTP con el equipo que tiene por usuario YYY y contraseña XXX.
2. El tipo de fichero que se va a transmitir es binario.
3. Apuntamos el path donde queremos colocar el archivo.
4. Definimos el path donde se encuentra el archivo que queremos subir.
5. Subimos el archivo comments.txt desde el path especificado.
6. Finalizamos la sesión FTP.

- **DESCARGA DE FICHEROS DEL SERVIDOR**

El objetivo es *descargar* todos los archivos contenidos en la carpeta **CURRENT_SPECT** del PC de control al *PC de usuario*.

La carpeta **CURRENT_SPECT** situada en el PC de control está formada por distintos archivos y directorios (ver Tabla 3.3) siguiendo la estructura fija que mostramos en la Figura 4.8:

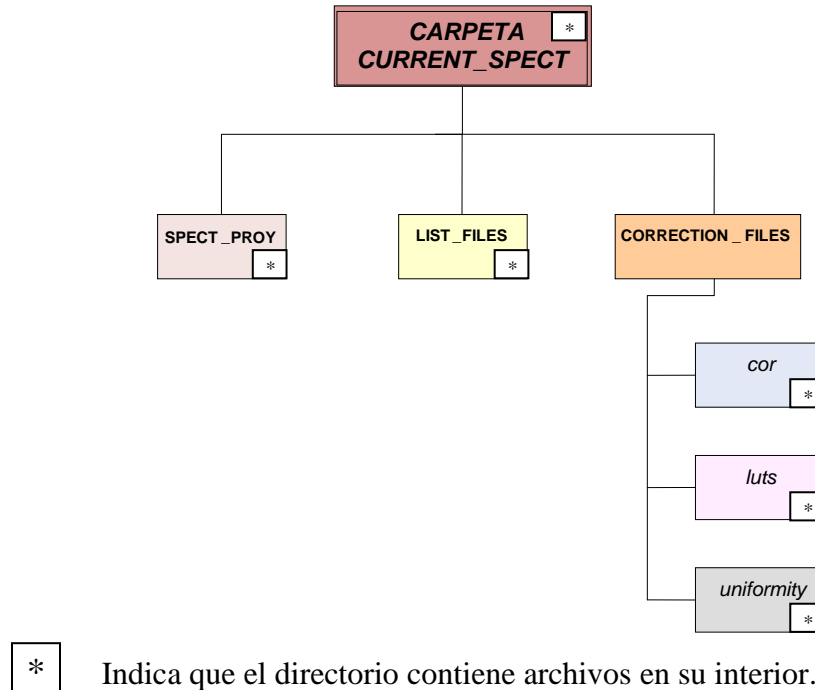


Figura 4.8. Estructura de directorios de la carpeta **CURRENT_SPECT**.

Por otro lado, en el PC de usuario disponemos de una carpeta denominada **ACQX** (donde X es un número entero que depende del número de adquisiciones que hayan sido almacenadas previamente en el directorio que seleccione el usuario), creada al arrancar la adquisición que contiene la misma estructura de directorios vacíos (Figura 4.9), que posteriormente se rellenarán con los ficheros correspondientes.

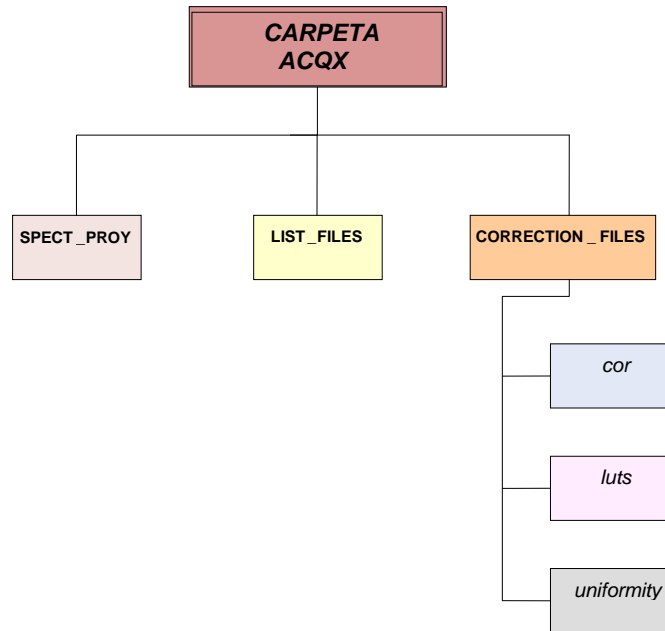


Figura 4.9. Estructura de directorios de la carpeta ACQX vacía.

El objetivo es ir descargando cada uno de los ficheros a la carpeta correspondiente del PC de usuario. De tal manera, que la carpeta ACQX contenga los mismos ficheros que la carpeta CURRENT_SPECT.

En este caso el script denominado *ftp_temp* contendrá las siguientes sentencias a ejecutar:

```

USER YYY
XXX
bin
cd /home/lacayo/SPECT/
lcd C:\last\SPECT\USERS\IMAGES\ACQ1
mget CURRENT_SPECT
cd CURRENT_SPECT
lcd LIST_FILES
mget LIST_FILES
lcd ..
lcd SPECT_PROY
mget SPECT_PROY
cd CORRECTION_FILES
lcd ..
lcd CORRECTION_FILES\cor
mget cor
lcd ..
lcd uniformity
mget uniformity
lcd ..
lcd luts
mget luts
bye
  
```

Esto implica:

- Inicio de la sesión FTP con el equipo que tiene por usuario YYY y contraseña XXX.
- Los ficheros que se van a transmitir son de tipo binario.
- Situamos el destino en el directorio correspondiente.
- Situamos el origen en el directorio correspondiente.
- Descargamos todos los archivos contenidos en la carpeta origen a la carpeta destino.

En la Figura 4.10, se puede ver esta descarga de ficheros de manera gráfica.

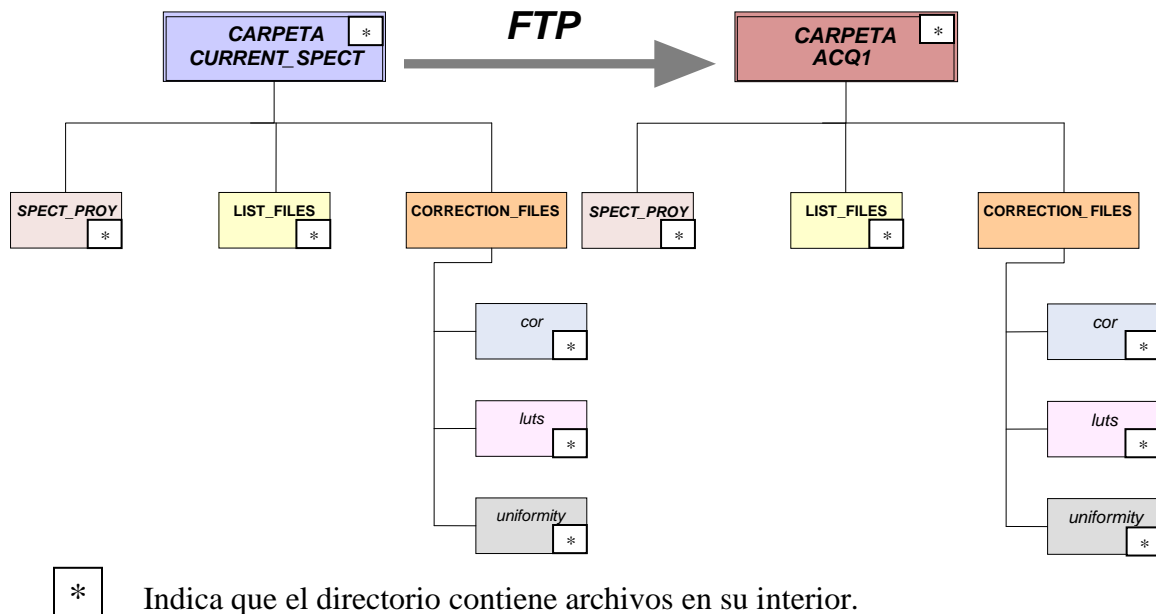


Figura 4.10. Descarga de todos los ficheros contenidos en la carpeta *CURRENT_SPECT* a la carpeta *ACQ1*.

4.2.3. DESARROLLO DE LA INTERFAZ DE ADQUISICIÓN DE DATOS DEL TOMÓGRAFO FSPECT

El código implementado para llevar a cabo esta interfaz se encuentra recogido en el procedimiento denominado *spect_acq_interface.pro*.

- *ADQUISICIÓN DE DATOS DE UN PACIENTE*

INTRODUCCIÓN

En la siguiente figura, mostramos el diagrama de flujo que sigue la interfaz de adquisición, que a continuación pasamos a describir. El color naranja implica acción por parte del usuario de la aplicación y el color azul indica acción que realiza la interfaz desarrollada.

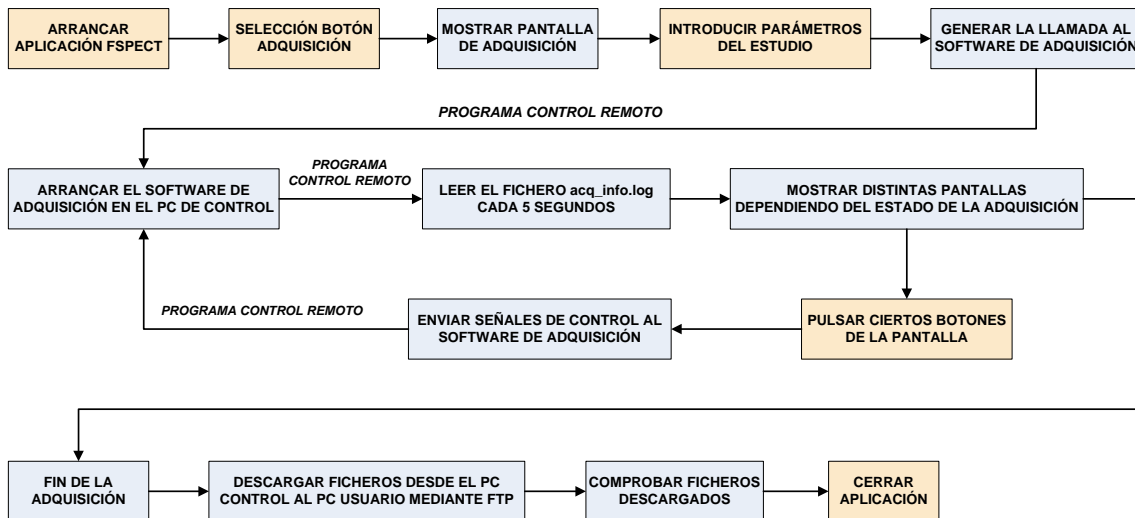


Figura 4.11. Diagrama de flujo de la interfaz de adquisición de datos.

Tras arrancar la aplicación **FSPECT** y seleccionar el botón *ACQUISITION* de dicha interfaz (Figura 4.12), se empieza a ejecutar el procedimiento *spect_acq_interface.pro*.

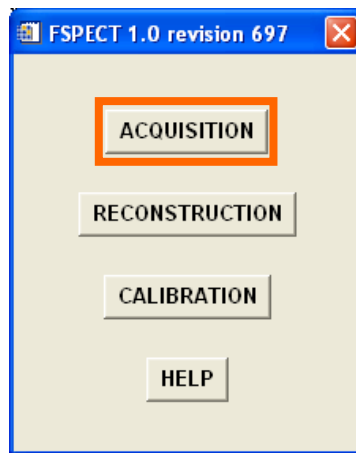


Figura 4.12. *Interfaz de la aplicación FSPECT. Selección del botón ACQUISITION.*

En ese momento, aparece la primera pantalla de adquisición denominada *New FSPECT acquisition: protocol description* que es la encargada de recoger los parámetros de entrada necesarios para lanzar el programa de adquisición de datos en el PC de control.

Antes de permitir al usuario introducir los parámetros de la nueva adquisición que se desea realizar, la interfaz de usuario comprueba si existe algún programa de adquisición de datos (daq_SPECT) arrancado en el PC de control. Esto es una comprobación rutinaria de seguridad, si por alguna razón existiera alguna instancia del software de adquisición ejecutándose (por ejemplo debido a una mala terminación de la adquisición anterior, o un corte de suministro eléctrico en el PC de usuario). Debido a esto, la comunicación entre el PC de usuario y el PC de control ya explicada anteriormente, comienza utilizando el programa connect.exe para ejecutar comandos en el PC de control.

Para comprobar que no hay ninguna instancia del programa daq_SPECT ejecutándose en el PC de control, la interfaz debe no obtener ninguna información relacionada con dicho programa tras realizar la consulta correspondiente desde el PC de usuario.

Si todo es correcto, a continuación se activa la parte superior de la pantalla para que el usuario comience a rellenar los datos del paciente y del estudio que quiere llevar a cabo. Si por el contrario, se detecta que ya existe un daq_SPECT arrancado en el PC de control, la información que se obtiene en la interfaz es por ejemplo la recogida en la Tabla 4.4.

PID	TTY	STAT	TIME	COMMAND
26769	?	Ss	0:00	/bin/bash /home/lacayo/SPECT/daq_SPECT_only -p2 -h0 -q2 -m120.00 -ndefinitivo_08Aug2011_Acq28 -r45 -s45 -ll
26780	?	S	0:00	./daq_SPECT -p2 -h0 -q2 -m120.00 -ndefinitivo_08Aug2011_Acq28 -r45 -s45 -ll

Tabla 4.4. Información obtenida sobre los procesos que contienen el patrón `daq_SPECT` ejecutados en el PC de control.

Si esto ocurre, la interfaz se encarga de mandar una orden para eliminar el proceso que se está ejecutando en el equipo Linux utilizando el programa `connect.exe` y así poder comenzar con una nueva adquisición de datos. La orden mandada en este caso es:

Killall -9 daq_SPECT

En resumen, el flujo de comunicación inicial del programa se representa en el siguiente diagrama:

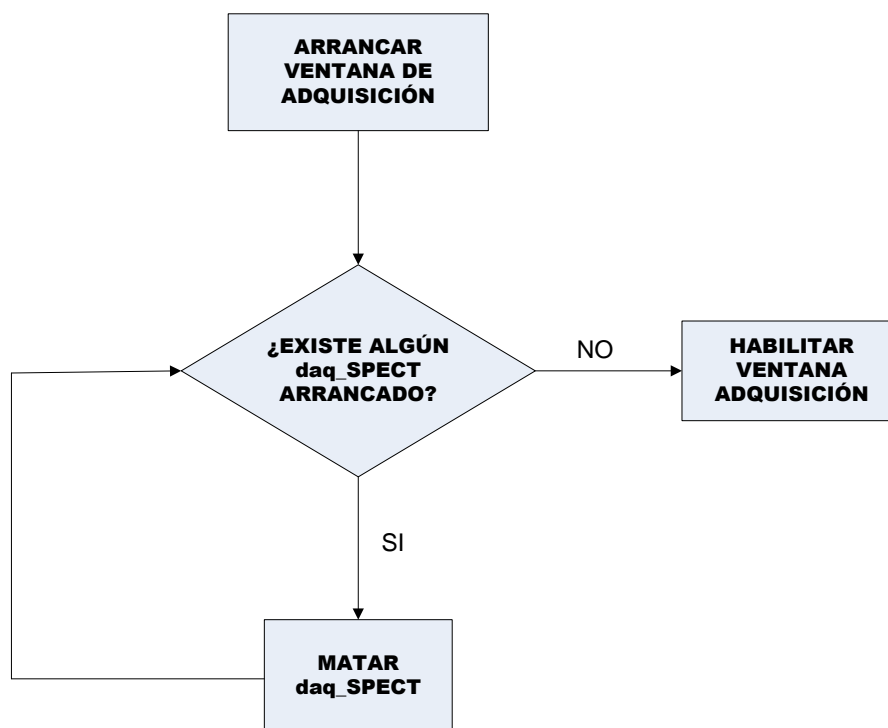


Figura 4.13. Diagrama de flujo del arranque de la aplicación.

Mientras se realiza dicha comprobación, toda la pantalla está desactivada y aparece una barra de desplazamiento para informar al usuario del tiempo de espera. La siguiente figura, muestra la pantalla que el usuario verá durante este proceso:

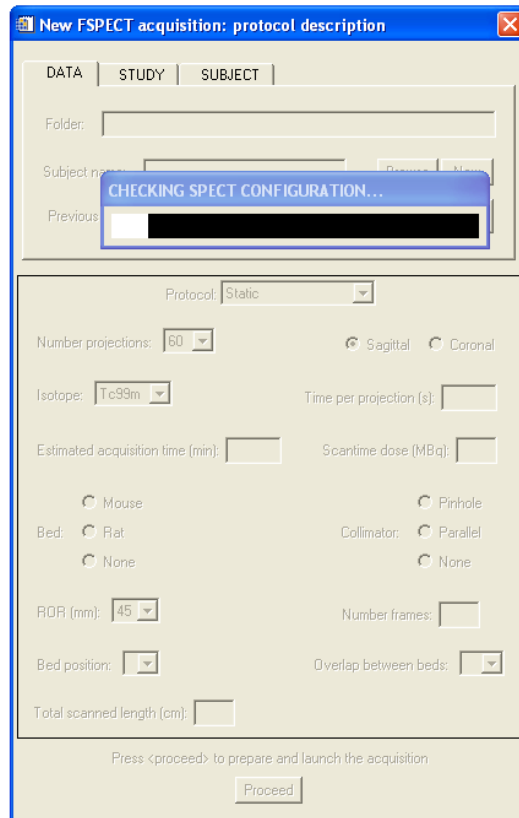


Figura 4.14. *Comprobación existencia del proceso daq_SPECT arrancado desde la interfaz de adquisición.*

SELECCIÓN DE PARÁMETROS DE EJECUCIÓN

Una vez ha finalizado el procedimiento ilustrado en la Figura 4.14, se habilita la parte superior de la pantalla de adquisición que está formada por tres pestañas (Figura 4.15). En ellas, el usuario puede incluir datos sobre el estudio que va a realizar e información sobre el animal al que ha inyectado el trazador que pasamos a describir brevemente.

Figura 4.15. Primera pantalla de adquisición.

En la primera pestaña denominada **DATA**, el usuario debe seleccionar dónde desea guardar el estudio que va a realizar (Figura 4.16). Para ello, tiene la opción de crear una nueva carpeta pulsando el botón **New** o seleccionar una ya existente pulsando el botón **Browse**. El usuario también puede cargar los datos de un paciente ya analizado con anterioridad, pulsando el botón **Load** y seleccionando el fichero.ACQ correspondiente para evitarle introducir de nuevo los campos que mostramos y describimos en las siguientes figuras:

Figura 4.16. Pestaña DATA de la interfaz de adquisición.

En la segunda pestaña denominada **STUDY** (Figura 4.17), el usuario de forma opcional puede añadir información adicional para el estudio en formato texto, además del identificador del estudio (número que identifica la adquisición que se va a realizar) o información sobre cómo ha situado al paciente en la cama.

Figura 4.17. Pestaña *STUDY* de la interfaz de adquisición.

Normalmente, el paciente es situado en la cama en la posición mostrada en la siguiente figura:



Prone Head_in

Figura 4.18. Posición habitual del sujeto a estudiar en la cama.

Aunque otras posibles opciones son las recogidas en la Figura 4.19:



Prone Feet_in

Supine Head_in

Supine Feet_in

Figura 4.19. Distintas posiciones del sujeto a estudiar en la cama.

En la tercera pestaña denominada **SUBJECT**, el usuario de forma opcional puede introducir datos sobre el paciente como son: su raza, identificador, seleccionar el sexo, edad, tamaño, peso y fecha en la que se realiza el estudio (Figura 4.20). El campo *Name* permanece inactivo porque la aplicación copia directamente el nombre de la carpeta en la que se va a almacenar el estudio, introducido con anterioridad en el campo *Subject Name* de la pestaña *DATA* (Figura 4.16).

DATA	STUDY	SUBJECT
Breed:	<input type="text"/>	Sex: <input type="checkbox"/> Other <input type="checkbox"/>
Name:	<input type="text"/>	Weight(gr): <input type="text"/>
ID:	<input type="text"/>	Size(cm): <input type="text"/>
DOB:	<input type="text" value="dd/mm/yyyy"/>	Age: <input type="text"/>

Figura 4.20. Pestaña *SUBJECT* de la interfaz de adquisición.

La aplicación, tras comprobar que los datos introducidos son correctos (por ejemplo que no contienen ningún carácter que no pueda ser usado en Windows para un nombre de archivo, o que el estudio se guarde en un directorio raíz predefinido), se habilita la parte central de la pantalla e internamente la interfaz de usuario crea una carpeta con un identificador único para la adquisición correspondiente. Esto implica que dentro del directorio seleccionado por el usuario se crea una carpeta con el nombre **ACQX**, donde **X** tomará valores consecutivos iniciando en 0. El valor asignado a X depende de si ya existe alguna adquisición almacenada previamente en la carpeta correspondiente.

Si la carpeta destino está vacía, entonces el directorio creado se denominará ACQ0 según se muestra en la Figura 4.21.

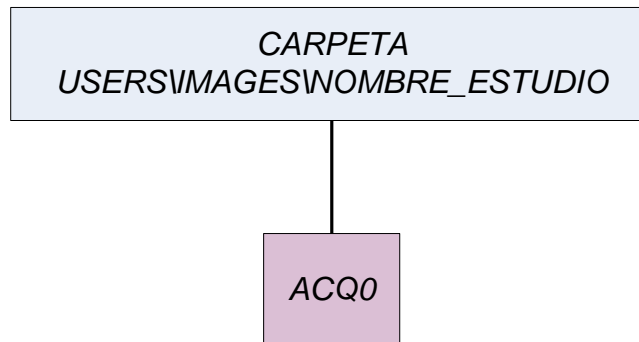


Figura 4.21. Primer directorio de adquisición creado.

Si por el contrario (Figura 4.22), dicha carpeta ya cuenta con algún directorio como por ejemplo dos directorios (ACQ0 y ACQ1), la nueva carpeta creada se denomina ACQ2 y así sucesivamente:

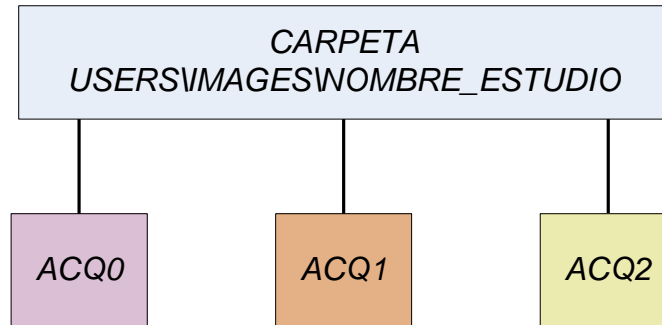


Figura 4.22. Tercer directorio de adquisición creado.

Como ya hemos mencionado con anterioridad, esta carpeta **ACQX** consta de una estructura de directorios fija (Figura 4.9) inicialmente vacíos. Éstos se rellenarán cuando la adquisición de datos haya finalizado y la interfaz de usuario descargue todos los ficheros generados por el programa de adquisición desde el PC de control al PC de usuario, usando para ello el protocolo ya explicado en el apartado 4.2.2.

Una vez el usuario ha introducido los datos correspondientes en la parte superior de la ventana inicial de adquisición, se activa la parte central de la misma en la que el usuario debe introducir los parámetros del estudio que desea realizar (Figura 4.23):

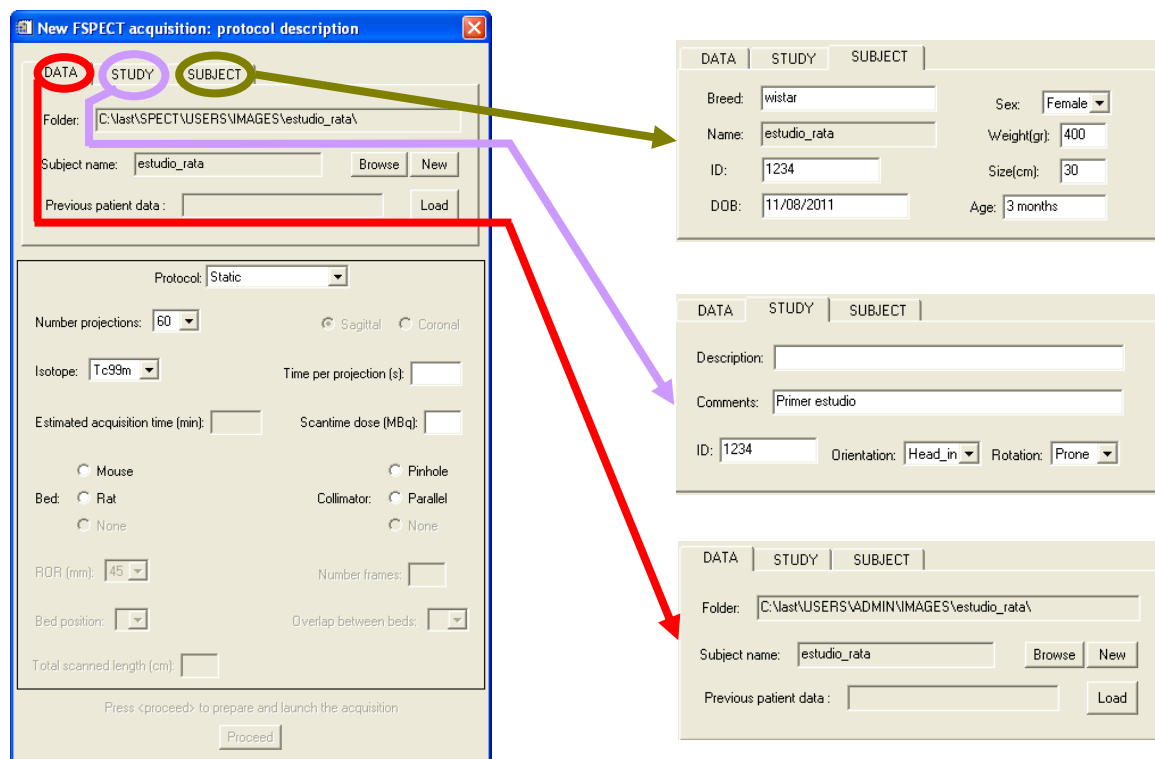


Figura 4.23 Primera pantalla de adquisición con datos del paciente y del estudio en cada una de las pestañas correspondientes. La parte central de la ventana se activa para que el usuario introduzca los datos del estudio.

Los siguientes párrafos definen los campos que el usuario debe rellenar en esta parte de la ventana y cual es su cometido:

protocol: Es el primer campo que debe seleccionar el usuario para definir el tipo de estudio a realizar:

1. **Estudio estático**: Consiste en adquirir una sola posición de cama del animal bajo estudio.
2. **Estudio dinámico**: Consiste en adquirir una sola posición de cama durante intervalos de tiempo consecutivos. Si el usuario selecciona esta opción se activará el campo **number of frames** de la pantalla. El número de imágenes que el usuario podrá reconstruir posteriormente será igual a este número de *frames*.
3. **Estudio de cuerpo entero**: En este caso, dividimos el tiempo de estudio seleccionado por el usuario en varias *posiciones de cama* (2-6). Si el usuario selecciona esta opción se activará el campo **Bed Positions** en el que el usuario podrá seleccionar el número de camas a realizar y el campo **Overlap between beds** que indicará el número de rodajas de la imagen tomográfica que se solapan entre posiciones de cama consecutivas. Solapar rodajas entre posiciones consecutivas de cama permite mejorar la calidad de la imagen final.
4. **Estudio de cuerpo entero dinámico**: Seleccionar esta opción indica que el usuario precisa de un estudio de cuerpo entero, con varios intervalos temporales (*frames*). Por tanto, para cada *frame* analizaremos tantas posiciones de cama como haya introducido el usuario. En este caso como es de suponer se activarán en la ventana los campos **number of frames**, **Bed Positions** y **Overlap between beds**.

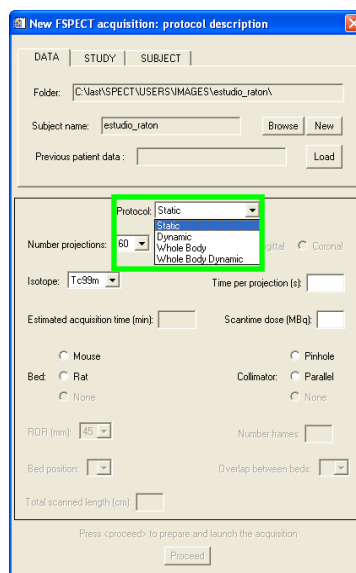


Figura 4.24. Selección del protocolo de adquisición.

Number of projections: El usuario podrá seleccionar entre 1, 60, 120, 180, 270 y 360 proyecciones. Si estamos en el caso de 1 sola proyección (obtendremos una gammagrafía) el usuario podrá seleccionar el tipo de imagen que quiere obtener para lo cual se activarán los campos **Sagittal** (imagen en el plano sagital) y **Coronal** (imagen en el plano coronal). Para obtener 1 sola proyección a partir de los datos crudos, no es necesario reconstruir pero sí que habrá que corregir los datos. Para el resto de opciones (n° de proyecciones $\neq 1$), será necesario corregir y reconstruir los datos.

Isotope: Isótopo con el que se ha marcado el radiotrazador que se utilizará en el estudio. El usuario podrá seleccionar entre diferentes isótopos: Tc-99m, Co-57, I-123, Tl-201 Hi y Tl-201 Lo.

Time per projection: tiempo en segundos que se adquiere en cada posición angular. El usuario tendrá que introducir un número entero. Si no es así, se mostrará un mensaje de información al usuario, para que cambie el valor introducido. En líneas futuras, podríamos adquirir también por *número de cuentas* (aunque en esta versión no se contempla esta posibilidad).

Scantime Dose: Dosis introducida al animal bajo estudio. Este parámetro se incluirá en MBq y de momento sólo tiene carácter informativo.

Bed: El usuario podrá seleccionar entre cama de *ratón* o *rata*. La opción *ninguna* tendrá sentido en versiones futuras en las que la máquina sea capaz de detectar el tipo de cama con la que ha sido equipada.

Collimator instalado en la gamma cámara: El usuario podrá elegir entre *colimador de agujeros paralelos* o *colimador pinhole*. Esta selección debe coincidir con el juego de colimadores que el usuario ha puesto en los detectores. La opción *ninguno*, al igual que en el campo anterior, será utilizada en versiones futuras en las que la máquina sea capaz de detectar el tipo de colimador con el que han sido equipados los detectores.

Una vez seleccionados el tipo de cama y colimador, se habilitará la parte inferior de la pantalla, en la que el usuario puede seleccionar el radio de rotación (ROR). Las opciones disponibles dependerán de la combinación cama-colimador que el usuario haya seleccionado:

ROR: Radio de rotación seleccionado para el estudio.

En caso de equipar la máquina con **colimadores paralelos** este parámetro indica la distancia entre la superficie del colimador y el centro de rotación del aparato (*COR*) (Figura 4.25). El valor del FOV, al usar colimadores paralelos, no varía en función del ROR y tiene un valor de 44.6 mm., que es el valor del FOV útil de los detectores instalados en el tomógrafo FSPECT.

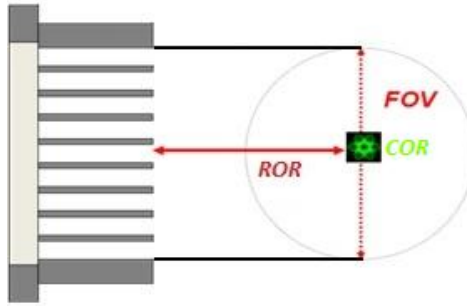


Figura 4.25. ROR de un colimador de agujeros paralelos.

En caso de equipar la máquina con **colimadores pinhole** este parámetro indica la distancia entre el foco del pinhole y el COR, según se muestra en la Figura 4.26.

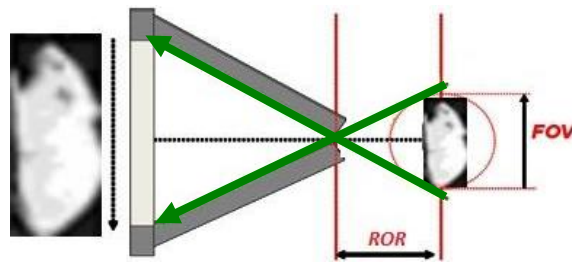


Figura 4.26. ROR de un colimador pinhole.

El valor del FOV sí que varía en función del ROR y es calculado por la aplicación, tras la selección del ROR (por el usuario) en la pantalla de adquisición. Para los colimadores pinhole disponibles en nuestra gamma cámara α , que es el ángulo de apertura del colimador, es de 60° .

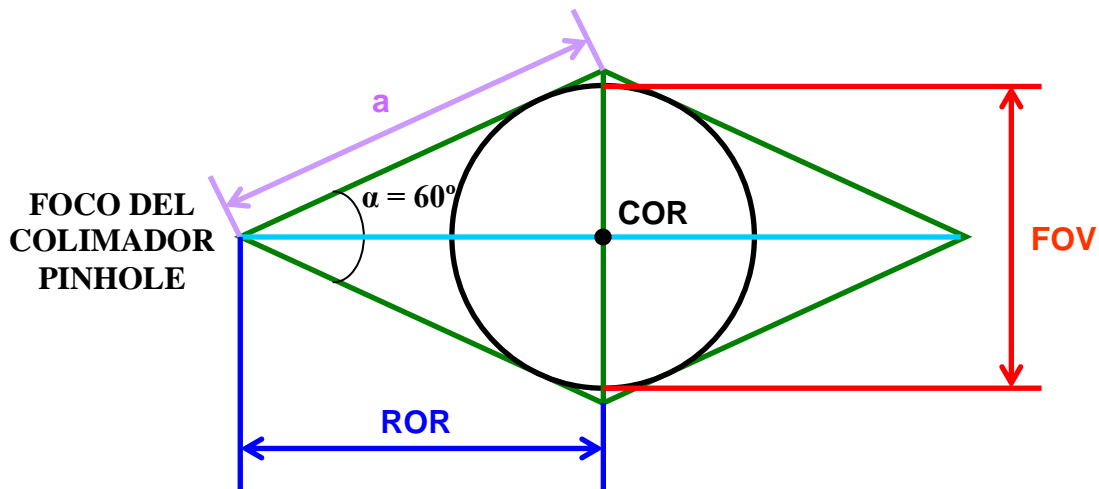


Figura 4.27. Obtención del FOV para el caso de colimadores pinhole.

De la Figura 4.27, se deduce que el **FOV** se obtiene calculando el diámetro de la circunferencia inscrita al rombo generado.

Conociendo α y el ROR seleccionado por el usuario y calculando el área del rombo y el lado denominado a , se obtiene el valor del FOV:

1. El **área** del rombo se define como:

$$A = a^2 \cdot \text{sen}_{\alpha} \quad \text{sustituyendo } \alpha \text{ por su valor} \quad A = a^2 \cdot \text{sen}_{60^\circ}$$

Por trigonometría básica obtenemos el valor del **lado a** del rombo:

	REPRESENTACIÓN GRÁFICA	FÓRMULA
<i>Obtención del lado a</i>		$a = \frac{ROR}{\text{sen}_{60^\circ}}$

Tabla 4.5. Obtención del lado a por trigonometría.

Si sustituimos el valor de a en la fórmula del área, se obtiene:

$$A = \left(\frac{ROR}{\text{sen}_{60^\circ}} \right)^2 \cdot \text{sen}_{60^\circ} = \frac{ROR^2}{\text{sen}_{60^\circ}}$$

2. El radio de la circunferencia inscrita se define como:

$$r = \frac{A}{2 \cdot a}$$

3. El FOV es el diámetro de dicha circunferencia, por tanto sustituyendo los valores tenemos:

$$FOV = 2 \cdot r = 2 \cdot \frac{A}{2 \cdot a} = \frac{A}{a} = \frac{\frac{ROR^2}{\text{sen}_{60^\circ}}}{\frac{ROR}{\text{sen}_{60^\circ}}} = ROR$$

En resumen, el valor del FOV obtenido es igual al ROR seleccionado por el usuario de la aplicación:

$$\text{FOV} = \text{ROR}$$

En el sistema FSPECT, se ha decidido que este parámetro tenga unos valores predefinidos según el tipo de colimador instalado en los detectores (Tablas 4.6 y 4.7).

	COLLIMATOR PARALLEL	COLLIMATOR PINHOLE
<i>Bed mouse</i>	<i>Opción no recomendada</i> <i>ROR = 45 mm</i>	<i>ROR = 25 mm</i> <i>ROR = 35 mm</i> <i>ROR = 45 mm</i>
<i>Bed rat</i>	<i>ROR = 45 mm</i>	<i>ROR = 35 mm</i> <i>ROR = 45 mm</i>

Tabla 4.6. ROR preestablecidos en función de la combinación cama-colimador instalados en el tomógrafo FSPECT.

En el caso de tener instalados los colimadores pinhole, obtendremos los valores del FOV usando la fórmula expuesta anteriormente.

	ROR=25 mm	ROR=35 mm	ROR=45 mm
<i>Bed mouse</i>	<i>FOV = 25 mm</i>	<i>FOV = 35 mm</i>	<i>FOV = 45 mm</i>
<i>Bed rat</i>	<i>Opción no disponible</i>	<i>FOV = 35 mm</i>	<i>FOV = 45 mm</i>

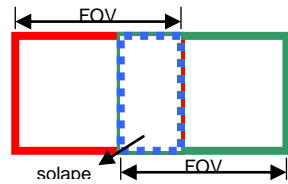
Tabla 4.7. FOV obtenido en función del ROR elegido por el usuario, para el caso de colimador pinhole.

Number frames: Número de intervalos temporales, introducido por el usuario. Tendrá que ser un número entero, sino aparecerá un mensaje de error para informar al usuario de que el valor no es válido y proceda a modificarlo. Este parámetro sólo estará activo si se ha seleccionado un estudio de tipo dinámico o de cuerpo entero dinámico.

Bed position: número de posiciones de cama del estudio. El usuario podrá seleccionar de 2 a 6. Este parámetro sólo estará activo si se ha seleccionado un estudio de cuerpo entero o de cuerpo entero dinámico.

Overlap between beds: Se refiere al número de rodajas que se quieren solapar entre posiciones de cama consecutivas. El usuario podrá seleccionar entre 2, 4, 6, 8 o 10. Este parámetro solo estará activo si se ha seleccionado un estudio de cuerpo entero o de cuerpo entero dinámico

Total scanned length: Valor que calculará el propio programa tras calcular el FOV e introducir el número de posiciones de cama del estudio y el solape entre camas consecutivas para el caso de un estudio multicama (Figura 4.28). Si el estudio sólo cuenta con una sola posición de cama, esta longitud es directamente el valor del FOV.

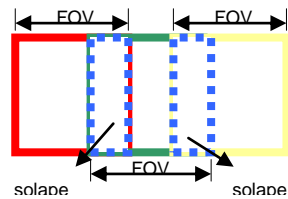


Para el caso de 1 cama:

$$\text{Longitud} = \text{FOV}$$

Para el caso de 2 camas:

$$\text{Longitud} = 2 \times \text{FOV} - \text{solape}$$



Para el caso de 3 camas:

$$\text{Longitud} = 3 \times \text{FOV} - 2 \times \text{solape}$$

Figura 4.28. Cálculo de la longitud de adquisición.

La fórmula genérica para calcular la longitud total de escaneo es:

$$\text{Total scanned length} = \text{numero_camas} \times \text{FOV} - (\text{numero_camas} - 1) \times \text{solape (cm)}$$

Donde la variable definida como *solape* se obtendrá conociendo el número de rodajas solapadas en un estudio multicama y el *grosor* de dichas rodajas (valor establecido de 1.6 mm). En este caso, el usuario puede introducir los parámetros oportunos en dicha pantalla de adquisición.

Estimated acquisition time: Este es un valor que la interfaz calcula en función de los parámetros introducidos en función del tipo de estudio. La fórmula utilizada para su cálculo es la siguiente.

$$\text{Estimated acquisition time} = \text{numero_camas} \times \text{tiempo_adquisicion_cama} \times \text{numero_frames (min)}$$

Donde: *tiempo_adquisicion_cama* = *numero_proyecciones* *x* *tiempo_por_proyeccion*.

A continuación se muestra como ejemplo, cual sería la apariencia de la ventana de adquisición para el caso en el que el usuario haya seleccionado un estudio de cuerpo entero dinámico de ratón con dos posiciones de cama, dos rodajas solapadas y tres frames:

New FSPECT acquisition: protocol description

DATA | **STUDY** | SUBJECT

Folder: C:\last\SPECT\USERS\IMAGES\estudio_raton\

Subject name: estudio_raton [Browse] [New]

Previous patient data: [Load]

Protocol: Whole Body Dynamic

Number projections: 60 [Sagittal] [Coronal]

Isotope: Tc99m Time per projection (s): 5

Estimated acquisition time (min): 30.00 Scantime dose (MBq): 129.5

[Mouse] [Pinhole]

Bed: [Rat] [None] Collimator: [Parallel] [None]

ROR (mm): 25 Number frames: 3

Bed position: 2 Overlap between beds: 2

Total scanned length (cm): 4.68

Press <proceed> to prepare and launch the acquisition

[Proceed]

Figura 4.29. Primera pantalla de adquisición para el caso de un estudio de cuerpo entero dinámico de ratón.

El usuario puede salir en cualquier momento de la ventana de adquisición, pulsando X y en ese caso, aparecerá un mensaje informativo indicando que los parámetros ya introducidos no se guardarán para adquisiciones posteriores. Si el usuario decide continuar con la adquisición, pulsará el botón **Proceed**. En ese momento, la interfaz de usuario creará el fichero denominado *comments.txt* (que se describe a continuación) y arrancará el software de adquisición de datos y control en el PC de control, tras generar la llamada correspondiente con los parámetros del estudio que el usuario ha seleccionado (Figura 4.30). Mientras realiza estas tareas, mostrará una nueva ventana de adquisición al usuario descrita posteriormente en el apartado de adquisición de datos (Figura 4.34).

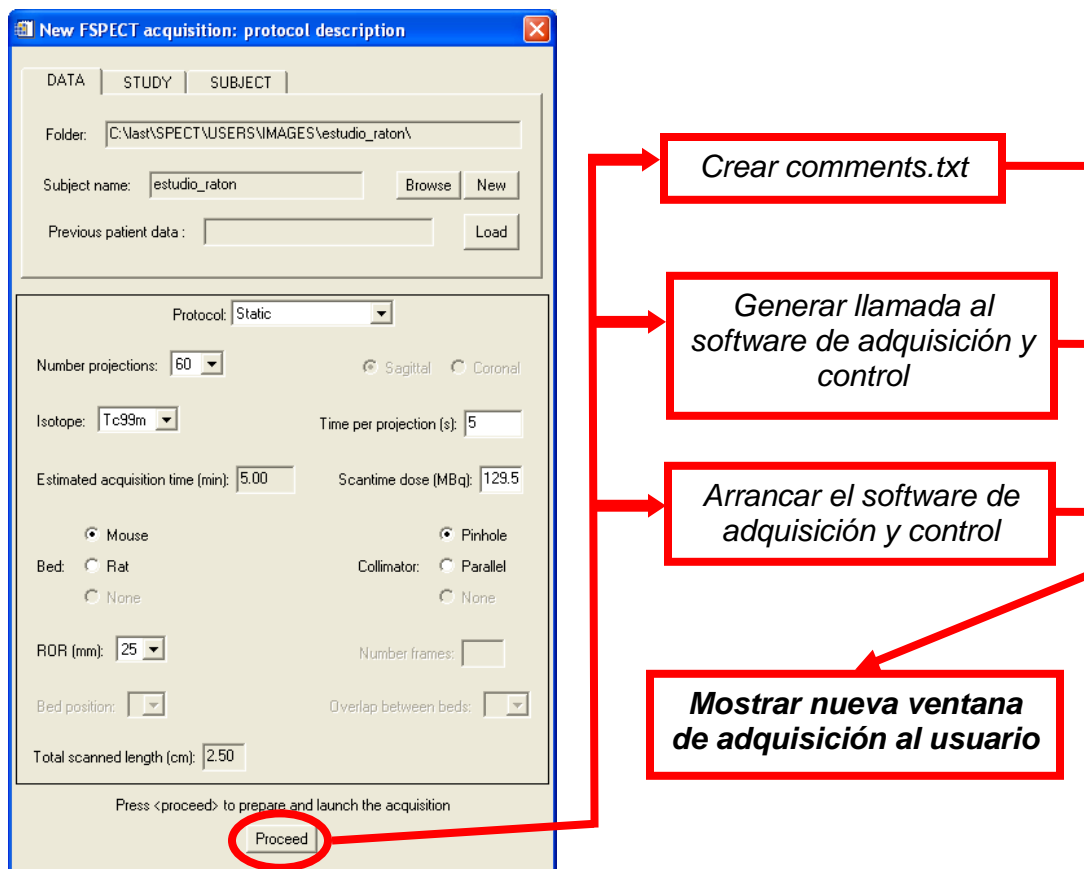


Figura 4.30. Flujo de funcionamiento de la interfaz de usuario tras pulsar el botón *Proceed*.

El fichero **comments.txt** contiene todos los valores añadidos en la parte superior de la primera ventana de adquisición, relacionadas con la información del estudio y del paciente. Este fichero será utilizado por el software de adquisición y control. A continuación, mostramos uno de estos ficheros a modo de ejemplo:

comments.txt

```

injected dose (MBq):= 129.5
GENERAL DATA :=
original institution :=UMCE-HGGM
originating system :=IDL-MMWKS, UMCE-
HGGM
contact person :=unknown
patient name :=estudio_raton
patient ID :=1234
patient breed:=Wistar
patient dob:=11/08/2011
patient age:=3 months
patient sex:=Other
patient weight (gr):=300.00
patient size (cm):=15.00
patient orientation :=Head_in
patient rotation :=Prone
study ID :=1
study date :=11/8/2011
study time :=12:35:00
data description :=Primer estudio
process description:=

```

Cuando se muestra al usuario la nueva ventana de adquisición, la interfaz de usuario está generando este nuevo fichero y realizando la llamada correspondiente al software de adquisición de datos con los parámetros que el usuario ha introducido en la primera ventana de adquisición (utilizando de nuevo el programa connect.exe). En la sección 3.2.1 se han explicado los parámetros de ejecución del software daq_SPECT, la interfaz de usuario se encarga en este caso de traducir los datos introducidos por el usuario en un conjunto de parámetros de ejecución adecuados.

A continuación, mostramos una llamada de ejemplo en la que vemos cómo a partir de los valores que introducimos en la primera pantalla de adquisición se genera la línea de ejecución necesaria para lanzar el programa daq_SPECT: Se trata de un estudio estático de 5 minutos (300 segundos), 60 posiciones angulares, 5 segundos de adquisición en cada proyección, usando el isótopo Tecnecio 99m, el nombre del estudio en este caso es estudio_raton_11Aug2011_Acq2, donde el eje mayor y menor de la órbita son iguales (25 mm) y el colimador instalado en los dos detectores es el pinhole.

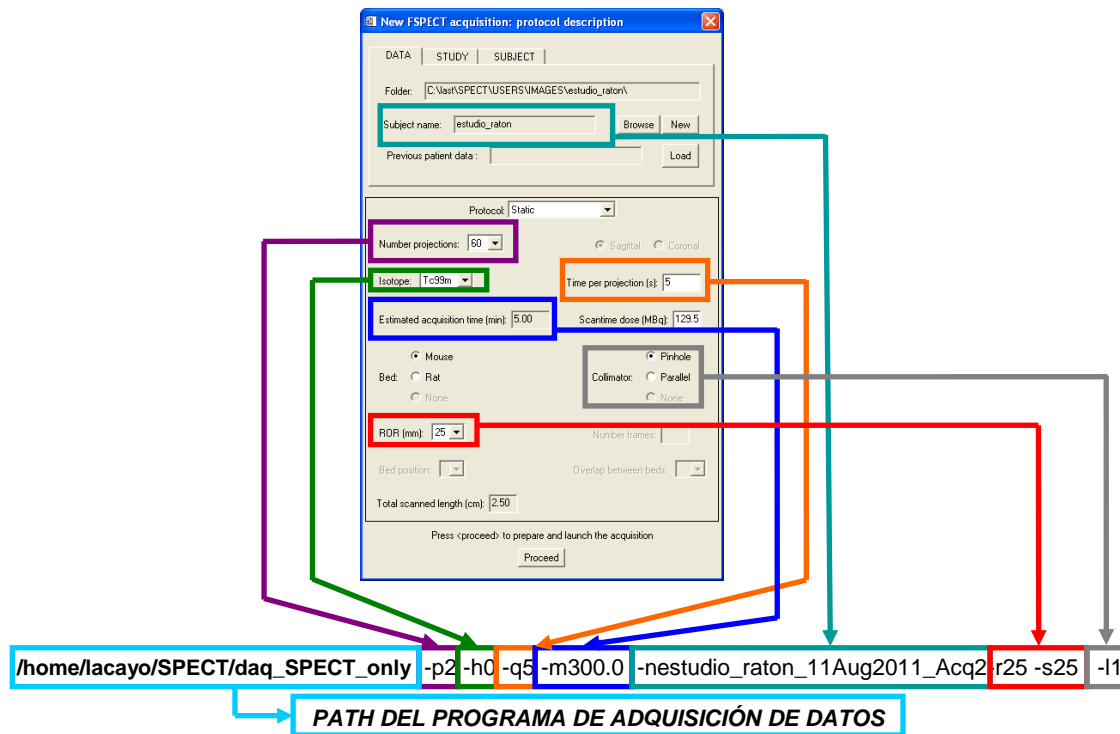


Figura 4.31. Generación de la llamada al programa `daq_SPECT` desde la interfaz de adquisición.

ADQUISICIÓN DE DATOS

Al pulsar el botón **Proceed** de la pantalla anterior por un lado, la interfaz lanza el `daq_SPECT` con los parámetros seleccionados y se muestra al usuario una nueva ventana de adquisición y por otro, el software de adquisición y control empieza a ejecutarse y crea el fichero `acq_info.log` (sección 3.2.3 del documento) que la interfaz de usuario leerá cada 5 segundos para conocer el estado por el que se encuentra la adquisición (sección 3.2.4 del documento) y actualizar las ventanas mostradas al usuario, siguiendo el diagrama de estados que se describe a continuación.



Figura 4.32. Acciones realizadas por la interfaz de usuario y el `daq_SPECT` tras pulsar el botón **Proceed**.

La interfaz de usuario varía su estado en función del estado que ha leído del fichero `acq_info.log` (parámetro *state*). Según este valor, mostrará una ventana u otra (los cambios aparecen en los botones que se habilitan y los mensajes informativos mostrados). El modo de funcionamiento interno queda resumido en el siguiente diagrama:

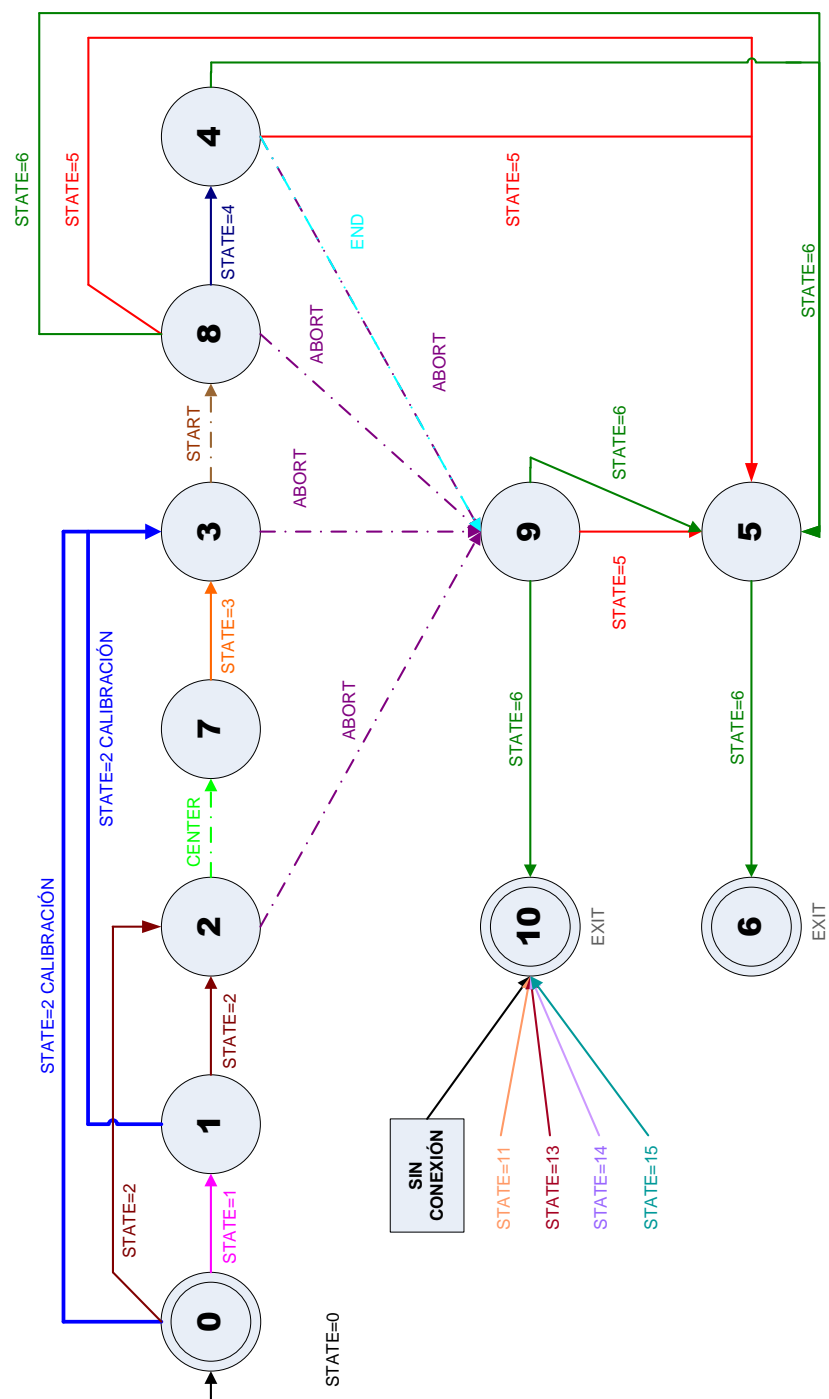


Figura 4.33. Diagrama de estados de la interfaz de adquisición.

Para cambiar de estado y por tanto, de ventana y funcionalidad, la interfaz de usuario tiene que esperar a que el usuario de la aplicación pulse el **botón** correspondiente (*CENTER*, *START*, *ABORT*, *END*) o a que el parámetro **state** cambie de valor, según se muestra en el diagrama anterior.

A continuación describimos los estados por los que puede pasar la aplicación:

ESTADO 0

La interfaz muestra el mensaje informativo correspondiente a que la máquina está cargando los archivos de configuración y haciendo home. El cambio de estado se produce al variar el parámetro *state*.

Esta es la ventana que se muestra inicialmente al usuario tras pulsar el botón **Proceed** de la ventana de adquisición anterior.

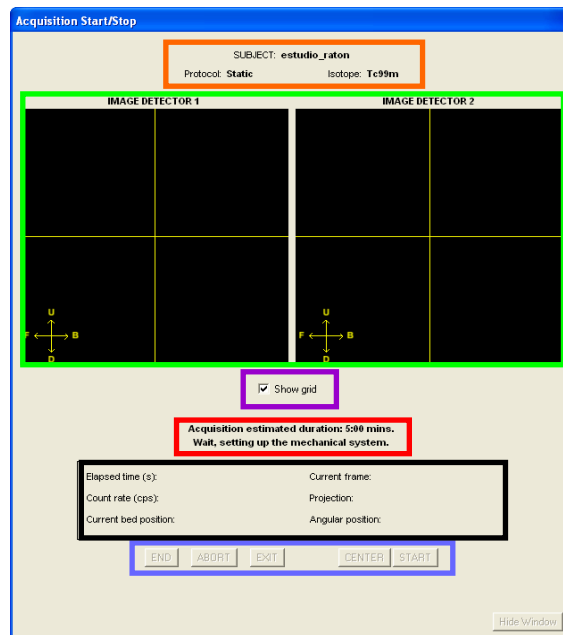


Figura 4.34. Ventana mostrada al usuario en el estado 0 de la interfaz de adquisición.

En la parte superior de dicha ventana aparece el nombre del directorio donde se va a almacenar el estudio (introducido previamente por el usuario en la ventana inicial de adquisición), el protocolo seleccionado y el isótopo utilizado. En la parte central, podemos ver dos visores vacíos y el botón **Show grid** que permite quitar los ejes de los visores si el usuario lo pulsa.

En la parte inferior, se muestran:

- Un mensaje informativo al usuario, dependiente del estado de la adquisición que será obtenido tras al leer el fichero *acq_info.log*.
- Los campos *Elapsed time*, *Count rate*, *Current bed position*, *Current frame*, *Projection* y *Angular position* que se rellenarán al iniciarse la adquisición con los valores especificados en el fichero *acq_info.log*.
- Ciertos botones, que se habilitarán dependiendo del estado de la adquisición.

ESTADO 1

La interfaz informa que la máquina está colocando los detectores y el anillo en la posición correspondiente. El cambio de estado se produce al variar el parámetro *state*.

ESTADO 2

En este caso, el mensaje informativo indica al usuario seleccionar qué zona del paciente quiere escanear. Para ello, moverá la cama usando el *handset* y tendrá como referencia el *láser*. Una vez de acuerdo con la ubicación, el usuario podrá pulsar el botón **CENTER** para que la máquina sitúe al paciente en el campo de visión de ambos detectores o **ABORT** si el usuario quiere salir de la aplicación antes de iniciarse la adquisición propiamente dicha (Figura 4.35). El cambio de estado se produce al pulsar alguno de estos botones de la ventana correspondiente.

Este estado no existe en el caso de un estudio de calibración.

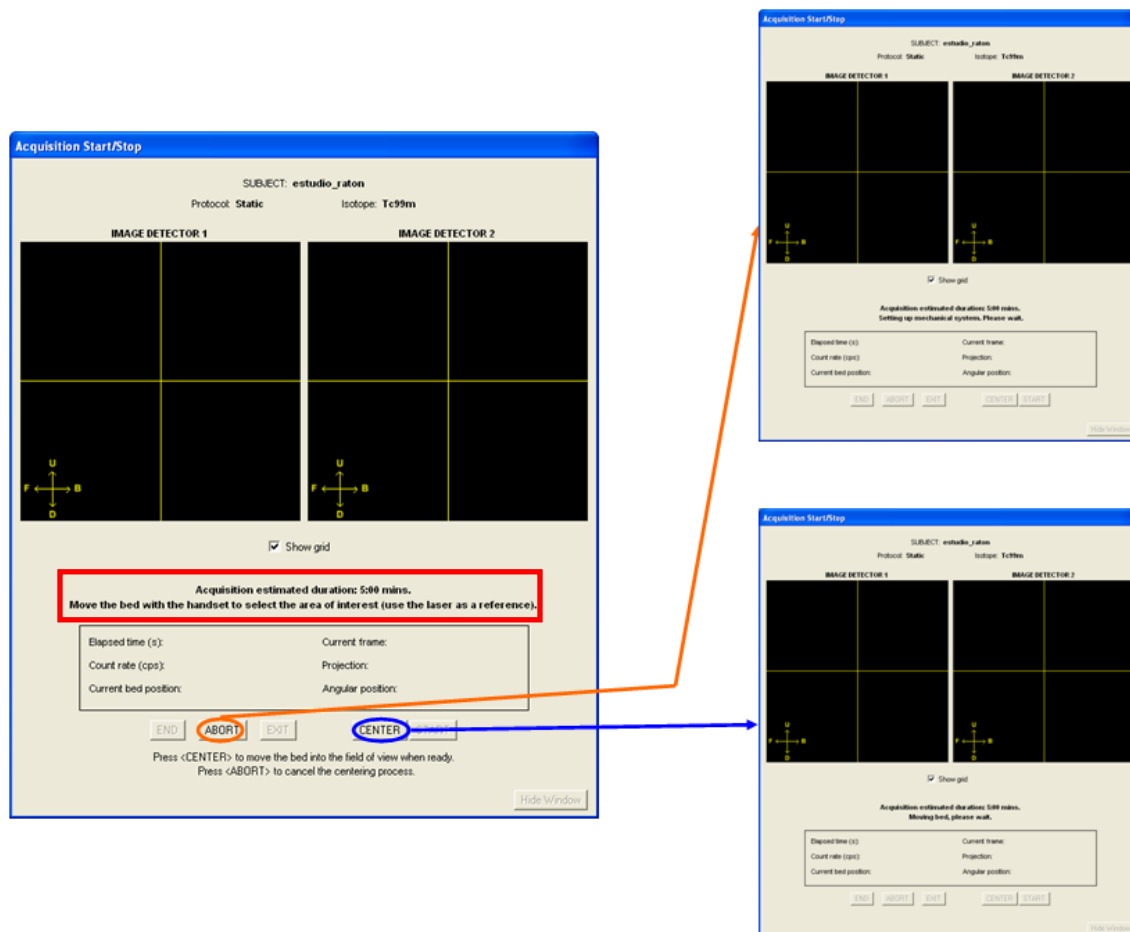


Figura 4.35. Distintas opciones de la interfaz de adquisición en el estado 2.

- Pulsar el botón **ABORT** implica enviar al software de adquisición la señal 3 (ejecutar el comando *killall -3 daq_SPECT* en el PC de control).
- Pulsar el botón **CENTER** implica enviar al software de adquisición la señal 10 (ejecutar el comando *killall -10 daq_SPECT* en el PC de control).
En el caso de un estudio de calibración, la cama se sitúa directamente en una posición fija (que es introducida como parámetro de entrada al arrancar el *daq_SPECT*) y por tanto, este botón no tiene sentido.

El botón **Hide Window**, que aparece deshabilitado en todas las ventanas, no está implementado en la versión inicial del tomógrafo. El objetivo de dicho botón será permitir al usuario ocultar la ventana de adquisición mientras se ejecuta el programa de adquisición.

ESTADO 3

En este caso, la cama se encuentra en la posición correcta. La interfaz de usuario informa de que el sistema de adquisición está preparado para adquirir y comienza a descargar las imágenes (captadas por ambos detectores) que son mostradas en los visores centrales de la ventana de adquisición.

El usuario podrá pulsar el botón **START** si desea empezar la adquisición o por el contrario, pulsar **ABORT** si desea salir de ella. El cambio de estado se produce al pulsar alguno de estos botones.

- Pulsar el botón **START** implica enviar al *daq_SPECT* la señal 12 (*killall -12 daq_SPECT* en el PC de control).

ESTADO 4

Se está adquiriendo y además se cumple que el *frame* actual o la posición de cama que se está analizando es mayor que uno, y por tanto, eso significa que el *daq_SPECT* ya ha generado los archivos propios de la adquisición y están almacenados en la carpeta correspondiente para que la interfaz de usuario pueda descargarlos al equipo local.

En este caso, el usuario puede pulsar los botones **END** o **ABORT**. Como en los casos anteriores, pulsar cualquiera de los botones, implica enviar una señal determinada al software de adquisición de datos.

El cambio de estado se produce al variar el parámetro *state* o al pulsar alguno de los botones mencionados.

- Pulsar el botón **END** implica enviar al *daq_SPECT* la señal 2 (*killall -2 daq_SPECT* en el PC de control).

ESTADO 5

Al finalizar el `daq_SPECT` la adquisición en curso, la interfaz de usuario descargará todos los ficheros generados desde el PC de control a la carpeta definida en el equipo local. El cambio de estado se produce al variar el parámetro *state*.

ESTADO 6

Se informa al usuario de que la adquisición ha finalizado correctamente y se activa el botón **EXIT** para cerrar la aplicación.

ESTADO 7

Tras pulsar el botón **CENTER**, la interfaz informa que la máquina está moviendo la cama hacia el FOV de ambos detectores. El cambio de estado se produce al variar el parámetro *state*.

Este estado no existe en el caso de un estudio de calibración.

ESTADO 8

Tras pulsar el botón **START**, comienza la adquisición y los valores que la interfaz de usuario lee del fichero `acq_info.log` se van mostrando en la parte inferior de la ventana, actualizándose cada 5 segundos.

Acquisition estimated duration: 5:00 mins. Acquisition Time left: 5:00 mins.			
Elapsed time (s):	0	Current frame:	1
Count rate (cps):	0.000000	Projection:	28
Current bed position:	1	Angular position:	84

Figura 4.36. Actualización de los parámetros propios de la adquisición.

El usuario puede pulsar el botón de **ABORT** y acabar con la adquisición cuando lo desee, pero en ese caso, el programa de adquisición no generará los ficheros correspondientes. El cambio de estado se produce al pulsar dicho botón o al variar el parámetro *state*.

ESTADO 9

El usuario ha pulsado los botones **END** o **ABORT** en la ventana correspondiente, y por tanto, se informa de que la máquina está realizando los movimientos mecánicos oportunos para volver a la situación de partida de la adquisición.

ESTADO 10

Se informa al usuario de que ha finalizado la adquisición de forma abrupta, ya que se ha pulsado el botón **ABORT** o ha ocurrido algún **error** en el sistema de adquisición. Se activa el botón **EXIT** para cerrar la aplicación.

En la Tabla 4.8, se resumen las características de cada uno de estos estados:

ESTADO	MENSAJES INFORMATIVOS	BOTONES ACTIVOS	INFORMACIÓN ADICIONAL
0	<i>Wait, setting up the mechanical system</i>	NINGUNO	-
1	<i>Wait, the system is setting up the gantry initial position</i>	NINGUNO	-
2	<i>Move the bed with the handset to select the area of interest (use the laser as a reference)</i>	CENTER ABORT	Subida del fichero comments.txt al equipo remoto
3	<i>The system is ready to acquire</i>	START ABORT	Descarga de imágenes al equipo local
4	<i>Acquisition started at hour:min:seg</i>	END ABORT	-
5	<i>Moving files. Please wait</i>	NINGUNO	Descarga de archivos generados en la adquisición al equipo local
6	<i>Acquisition finished at hour:min:seg</i>	EXIT	-
7	<i>Moving bed, please wait</i>	NINGUNO	-
8	<i>Acquisition started at hour:min:seg</i>	ABORT	-
9	<i>Setting up mechanical system. Please wait</i>	NINGUNO	-
10	<i>Acquisition aborted at hour:min:seg</i>	EXIT	-

Tabla 4.8. Mensajes informativos y botones habilitados en cada estado de la interfaz de adquisición.

- *ADQUISICIÓN DE DATOS DE CALIBRACIÓN*

En este caso, al arrancar la aplicación **FSPECT** el usuario debe seleccionar el botón *CALIBRATION* (Figura 4.37). Esta aplicación ha sido realizada de forma paralela al trabajo descrito en este documento[25] y su objetivo principal es *calibrar el tomógrafo*. Es decir, generar los ficheros de calibración necesarios para corregir imperfecciones inherentes a los detectores del sistema, errores asociados a la electrónica utilizada en la adquisición de datos y correcciones relacionadas con el alineamiento de los detectores entre ellos y de los propios detectores con el centro de rotación del aparato. En este proyecto se han desarrollado las partes relacionadas con la adquisición de los datos de calibración. Para ello, se han utilizado las funciones definidas en los apartados anteriores, modificándose simplemente las ventanas que se presentan al usuario y por tanto, el flujo de ejecución. En los siguientes apartados se explican el desarrollo realizado para llevar a cabo la adquisición de los datos de calibración y cómo se ha integrado el software implementado en la aplicación principal. Se remite al lector al proyecto anteriormente citado y al manual de usuario de FSPECT[26] para tener una información más detallada de los protocolos de calibración.

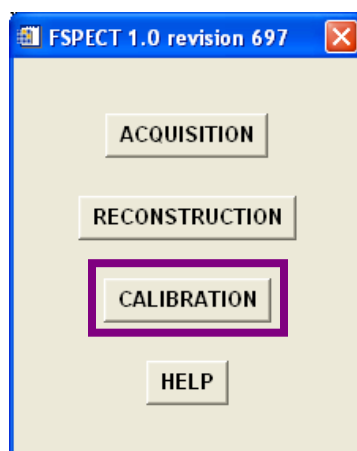


Figura 4.37. *Interfaz de la aplicación FSPECT. Selección del botón CALIBRATION.*

ADQUISICIÓN DE DATOS PARA CORRECCIONES DEL SISTEMA DE DETECCIÓN

Durante este procedimiento, el técnico de laboratorio debe equipar la máquina con la cama de calibración correspondiente y situar sobre ella un maniquí de calibración que contiene una concentración uniforme de ^{99m}Tc . El usuario seleccionará el botón **acquire new calibration** de la pestaña *DETECTORS* de la aplicación de calibración[25], con lo que comenzará el proceso de adquisición de datos.

Al arrancar la aplicación, lo primero que hace la interfaz de usuario es, como en el caso anteriormente explicado para una adquisición normal, comprobar si hay alguna instancia del programa daq_SPECT arrancado en el PC de control, siguiendo el proceso ya definido en el apartado 4.2.1 del documento. Mientras se realiza esta comprobación, el usuario podrá ver una barra de desplazamiento que le informará del tiempo restante de espera. Una vez finalizada dicha comprobación, el usuario deberá seleccionar la cama instalada en el tomógrafo y el tipo de colimador instalado en ambos detectores. Si las opciones seleccionadas son distintas de **Cal** (para la cama) y **None** (para el colimador), se mostrará un mensaje informativo al usuario indicando que la configuración del tomógrafo no es correcta.

Si las opciones seleccionadas son correctas, se habilitará la pantalla, para que el usuario pueda elegir la duración del estudio en minutos (10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 120) y el nombre con el que desea guardar el nuevo estudio de calibración que se va a realizar.

En este caso, el aspecto de la pantalla que se muestra al usuario es el siguiente:

Flood Calibration Procedure

INSTRUCTIONS:

1. Fill the calibration phantom with an uniform Tc99m concentration and attach it to the calibration bed.
2. Attach the calibration bed to the system.

Bed detected:
☐ Mouse ☐ Rat ☒ Cal ☐ None

Collimators detected:
☐ Pinhole ☐ Parallel ☒ None

3. Select acquisition parameters.

Study duration [min]: 10

Study name: Calibration_study

4. Press <START> to launch the acquisition.

Acquisition estimated duration: 0:00 mins.
 Wait, setting up the mechanical system.

Elapsed time (s):	Current frame:
Count rate (cps):	Projection:
Current bed position:	Angular position:

END ABORT EXIT START

Hide Window

Figura 4.38. Ventana de adquisición de calibración. Corrección uniformidad.

A continuación, el usuario tendrá que pulsar el botón **START** para arrancar el proceso de adquisición. En ese momento, se realiza la llamada al daq_SPECT (siguiendo los procedimientos explicados en el apartado *adquisición de datos* anterior).

Como en el caso de una adquisición normal, la interfaz descrita genera los parámetros necesarios para hacer la llamada al `daq_SPECT` a partir de los valores que el usuario introduce en la ventana y otros parámetros fijados previamente para este tipo de calibraciones[25].

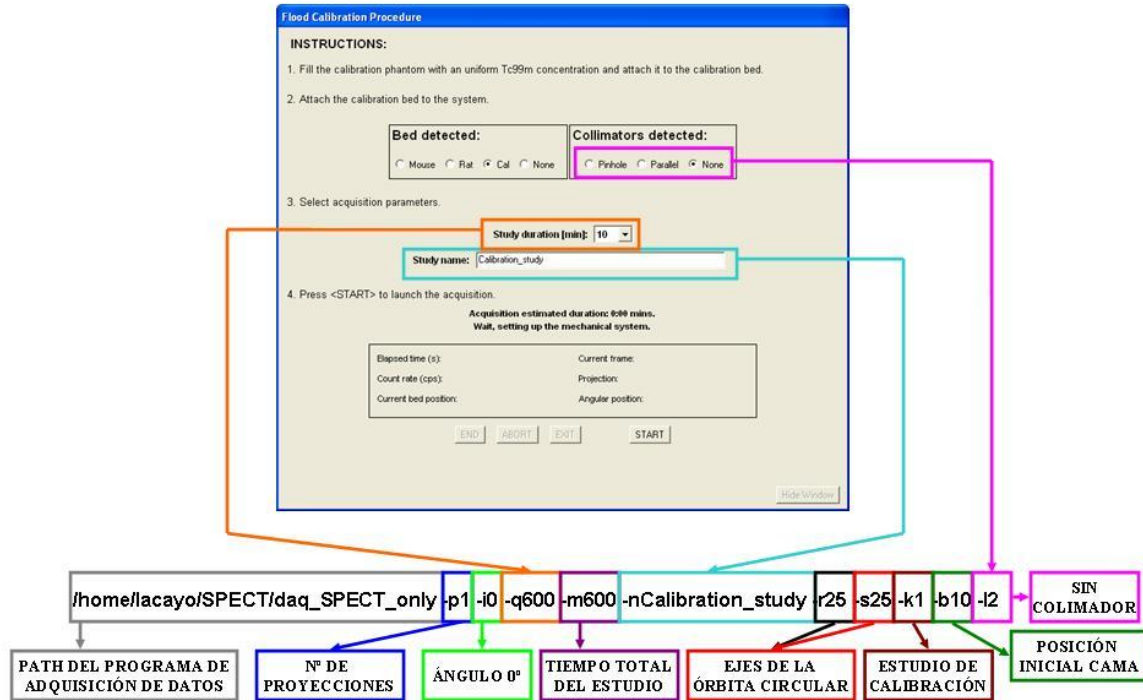


Figura 4.39. Generación de la llamada al programa `daq_SPECT` desde la interfaz de adquisición. Corrección uniformidad.

En el caso ilustrado en la Figura 4.39, se realiza un estudio de calibración consistente en una sola posición angular, de duración 10 minutos (600 segundos), el nombre del estudio definido es `Calibration_study`, el número de mm. que se desplaza la cama (sin usar el *handset*) es de 10 mm., los ejes de la órbita circular son de 25 mm. y los detectores no tendrán instalados ningún colimador.

Cuando el usuario pulse el botón **START** de la ventana, se lanzará la llamada al `daq_SPECT` y como en el caso de una adquisición normal, durante la misma la información del archivo `acq_info.log` será mostrada en la parte inferior de la pantalla mostrada en la Figura 4.39.

Durante la adquisición, el usuario puede abortar la adquisición, utilizando el botón **ABORT** de la pantalla con lo que el `daq_SPECT` no generará ningún archivo y por tanto, la interfaz de usuario no tendrá que descargarlo al final de la adquisición. Si la adquisición no es abortada, se generarán los ficheros necesarios para obtener los archivos de calibración pertinentes.

La interfaz creará en el momento en que detecte que los datos están adquiridos, la estructura de directorios necesaria para posteriormente traer los ficheros generados al equipo local. En este caso, el path específico donde se guardarán los estudios de calibración será `/USERS/IMAGES_CALIBRATION\ACQ_CALIBRATIONX`, donde X será un número entero que se irá incrementando si ya existen adquisiciones guardadas previamente en el directorio. La carpeta `ACQ_CALIBRATIONX` constará de los mismos componentes que una adquisición normal es decir:

- Una carpeta denominada `SPECT_PROY`.
- Una carpeta denominada `LIST_FILES`.
- Una carpeta denominada `CORRECTION_FILES`. Que contendrá a su vez los siguientes directorios:
 - Una carpeta denominada `cor`.
 - Una carpeta denominada `uniformity`.
 - Una carpeta denominada `luts`.

De manera esquemática, podemos ver que la carpeta `ACQ_CALIBRATIONX` tiene la siguiente estructura de directorios fija:

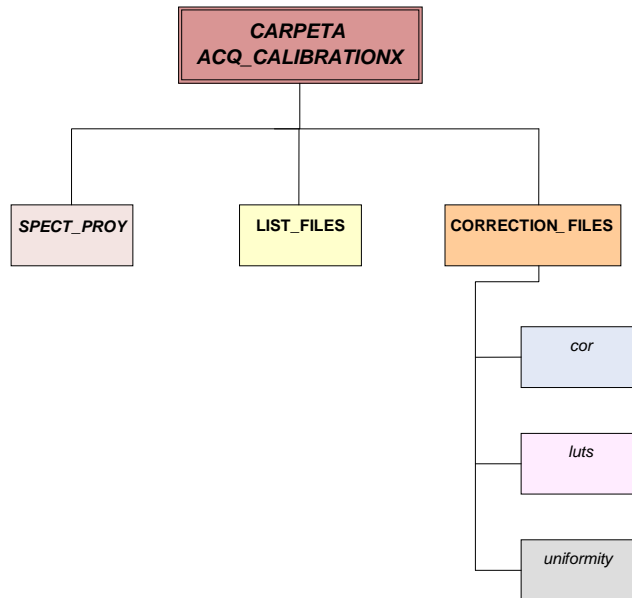


Figura 4.40. Estructura de directorios de la carpeta `ACQ_CALIBRATIONX`.

Cuando la adquisición termine y los ficheros resultantes se tengan en la máquina local, se mostrará un mensaje informativo y se habilitará el botón **EXIT** para poder cerrar la aplicación y finalizar el proceso de adquisición de datos de calibración.

ADQUISICIÓN PARA CORREGIR LOS DESALINEAMIENTOS ENTRE DETECTORES EN EL CASO DE UTILIZAR COLIMADORES PINHOLE

En este caso, los detectores tendrán que tener instalados los colimadores pinhole y la máquina la cama de calibración. El técnico de laboratorio tendrá que situar el maniquí de calibración consistente en un soporte con tres pequeños orificios con distancias entre puntos conocidas donde se pueda inyectar el correspondiente isótopo (emulando tres fuentes puntuales a distancias conocidas) sobre la cama y seleccionar el botón **acquire new calibration pinhole** de la pestaña *PINHOLE GEOMETRY* de la aplicación de calibración. El diagrama de estados (al igual que en el caso anterior) que sigue la interfaz de usuario se encuentra especificado en el apartado *adquisición de datos* anterior.

El aspecto de la pantalla de adquisición en este caso es el siguiente:

PINHOLE GEOMETRY

INSTRUCTIONS:

1. Fill the calibration phantom with the corresponding isotope and attach it to the calibration bed.
2. Attach the calibration bed to the system.

Bed detected: ☐ Mouse ☐ Rat ☒ Cal ☐ None

Collimators detected: ☒ Pinhole ☐ Parallel ☐ None

3. Select ROR and study duration.

ROR [mm]: 25 **Study duration [min]:** 30

Study name: Calibration_study

4. Press <START> to launch the acquisition.

Acquisition estimated duration: 0:00 mins.
Wait, setting up the mechanical system.

Elapsed time (s): Current frame:
Count rate (cps): Projection:
Current bed position: Angular position:

END **ABORT** **EXIT** **START**

Hide Window

Figura 4.41. Ventana de adquisición de calibración. Corrección geometría pinhole.

Esta aplicación es similar a la explicada en el apartado anterior, la única diferencia es que en la pantalla mostrada al usuario, una vez haya equipado la máquina de forma correspondiente, éste tendrá que elegir la duración del estudio (entre 30, 60 y 120 minutos) y el radio de rotación (entre 25, 35 y 45 mm.) y modificar el nombre del estudio si lo desea. A continuación, el usuario pulsará el botón **START** y el proceso será el mismo que el explicado en el punto anterior, siendo la única diferencia que los datos que se obtendrán servirán para calibrar la geometría del tomógrafo en vez de su sistema de detección.

4.3. INTERFAZ DEL SISTEMA DE RECONSTRUCCIÓN DE IMAGEN

PREPROCESADO DE LOS DATOS ADQUIRIDOS

Tras la adquisición de los datos, los archivos lista se procesan para obtener un conjunto de proyecciones corregidas que servirán como entrada a los diferentes algoritmos de reconstrucción de imagen implementados. Este proceso consiste en un primer paso, en el cual se realizan correcciones intrínsecas al detector como son no uniformidad, no linealidad espacial o el ajuste de las posiciones de los picos de energía y un segundo paso, en el cual se corrigen problemas relacionados con el alineamiento geométrico de los detectores[25].

En la primera etapa del procesado, los eventos detectados se asignan a cristales físicos de los detectores correspondientes utilizando unas tablas de equivalencia obtenidas en el proceso de calibración del aparato y se obtienen los espectros de energía de cada cristal. Estas tablas denominadas *LUTs* (*look-up tables*) de cristales, asocian cada uno de los fotones detectados por el sistema de adquisición con su cristal correspondiente[27]. Es decir, relacionan cada elemento de la matriz de cristales con un conjunto de píxeles de la imagen de llenado de campo. Se necesita una LUT de cristales para cada uno de los detectores del prototipo.

Posteriormente, se aplica lo que denominamos *corrección de energía*. Debido a la no uniformidad en el cristal, en la eficiencia de recogida de luz y en la ganancia de los tubos fotomultiplicadores, la posición del fotopico varía ligeramente de una posición a otra en el detector. Por tanto, aplicando el fichero de calibración correspondiente sobre las proyecciones lo que haremos será alinear los espectros de energía de todos los cristales del detector al valor del canal de energía definido por el fotopico (dependiendo del isótopo utilizado en la adquisición). Para el caso del Tc-99m el canal del fotopico se encuentra en 140 keV. El objetivo de este desplazamiento y escalado de los espectros es el de aplicar una ventana de energía más estrecha al detector completo, evitando así posibles dispersiones en la imagen reconstruida. El propósito de la selección de la ventana energética por parte del usuario, es por un lado, poder discriminar los eventos que han sufrido dispersión Compton (quedándonos sólo con los eventos que han interactuado por efecto fotoeléctrico que son los del fotopico) y así evitar artefactos indeseados en la imagen reconstruida y por otro, poder seleccionar el rango de energías del estudio que queremos analizar. Por otra parte, si por ejemplo se han inyectado al sujeto varios trazadores distintos, limitar la ventana de energía a cierto rango de interés, nos permitirá seleccionar la imagen del trazador que queremos reconstruir. Tras seleccionarla (y aplicar dicha ventana de energía sobre las proyecciones), se pasará a aplicar la corrección de uniformidad.

Tras el paso anterior, los espectros de energía de todos los cristales de ambos detectores estarán alineados y podremos aplicar una ventana de energía global al estudio (por el usuario en la ventana de reconstrucción). Tras este paso, el software desarrollado aplicará lo que denominamos *corrección de uniformidad de ganancia* de los elementos detectores que pasamos a describir a continuación.

Si exponemos el cristal detector a un flujo de radiación uniforme, se genera una imagen de llenado de campo en la que se puede apreciar no uniformidad en la intensidad, cuando lo ideal sería obtener una imagen totalmente uniforme como la fuente de la que procede. Para corregir esta no uniformidad, la aplicación de calibración calcula el ratio entre el número medio de cuentas de la imagen y el número real de cuentas detectadas en cada elemento de la imagen. Para ello, se realiza una adquisición de datos utilizando una fuente plana que produce una irradiación uniforme del campo de visión y que permite la extracción del patrón de sensibilidad en cada zona de los detectores y por tanto, obtiene el factor a aplicar para su normalización que también se encuentra almacenado en el fichero de calibración.

En resumen, los archivos lista se procesan para obtener una proyección corregida para cada posición angular adquirida. Cada una de esas proyecciones se procesan utilizando la *tabla de búsqueda de cristales*, para asignar cada posición de interacción X e Y a un cristal del detector, se alinean los espectros de todos los cristales utilizando los factores de *energía* y se ecualiza la ganancia de los mismos utilizando los factores de corrección de *uniformidad* obtenidos en el **proceso de calibración**.

Los *desalineamientos entre detectores* y los de los propios *detectores con el centro de rotación*, han sido calculados en un segundo proceso de calibración utilizando el método descrito en [28], estos factores se aplican a los datos procesados según el procedimiento anteriormente descrito mediante su inclusión en las matrices del sistema necesarias para la reconstrucción de las imágenes mediante algoritmos iterativos.

Por último, debido a que la geometría de adquisición del tomógrafo cambia en función del tipo de colimador instalado en los detectores y en caso de utilizar colimadores pinhole también en función del radio de rotación seleccionado, se utilizan varios algoritmos de reconstrucción adaptados a las posibles configuraciones. Concretamente, para datos adquiridos con colimadores paralelos, el sistema cuenta con un algoritmo de reconstrucción analítica 2D de tipo **FBP** (*Filtered Back Projections*, sección 2.9.3 del documento) y algoritmos iterativos de tipo **OSEM** (*Ordered Subsets Expectation Maximization*, sección 2.9.3 del documento) en **2 dimensiones**. Para datos adquiridos con el colimador pinhole, el sistema cuenta con un algoritmo iterativo de tipo **OSEM** en **3 dimensiones**.

Los algoritmos iterativos han sido desarrollados en la Unidad de Biofísica y Bioingeniería de la Universidad de Barcelona-IDIBAPS y son llamados directamente por la aplicación descrita en la sección 4.3.1. Éstos permiten reconstruir imágenes de una sola posición de cama.

RECONSTRUCCIÓN DE LAS IMÁGENES

La interfaz de reconstrucción partirá de los *archivos en modo lista* generados por el software de adquisición y control que se encuentran en el equipo local dentro de la carpeta *LIST_FILES* del estudio que el usuario seleccione, para generar las proyecciones.

Los archivos en modo lista contienen los datos de los estudios realizados y la información de sincronismo necesaria para su ordenación. Estos archivos constan de diferentes paquetes de datos (eventos) que se van colocando de forma consecutiva unos detrás de otros. La extensión de estos archivos es *.slt*. Se generarán tantos archivos *.slt* como número de camas y *frames* haya elegido el usuario en el proceso de adquisición.

El código encargado de pasar los archivos *.slt* a proyecciones denominado **generate_projections.pro**, ha sido implementado en IDL por el Laboratorio de Imagen Médica. Tras ejecutarlo, obtendremos las proyecciones adquiridas sobre las que se aplicarán todo el procesado explicado anteriormente. Finalmente, esas proyecciones corregidas se almacenarán en directorios específicos:

- Si el colimador con el que estaba equipado la gamma cámara durante el proceso de adquisición es el paralelo, se almacenará en el directorio *C:\last\SPECT\RECONSTRUCTION\COLLIMATOR_PARALLEL\IMAGES* la suma de las proyecciones de ambos detectores en un fichero denominado: **proj_suma_bedx.img**. Donde x es un número entero que indica la cama que estemos analizando. Posteriormente habrá que generar el sinograma correspondiente, que servirá de entrada a los algoritmos 2D FBP y 2D OSEM.
- Si el colimador instalado es el pinhole, se almacenará en el directorio *C:\last\SPECT\RECONSTRUCTION\COLLIMATOR_PINHOLE\IMAGES* los ficheros correspondientes a las proyecciones de cada uno de los detectores denominados: **proj_det1_bedx.img** y **proj_det2_bedx.img**, que se pasarán como entrada directamente al algoritmo de reconstrucción 3D OSEM. Al igual que en el caso anterior, x hace referencia a la cama analizada.

Para el caso de utilizar los algoritmos de reconstrucción 2D FBP y 2D OSEM, la interfaz de reconstrucción tendrá que ordenar los datos obtenidos, para generar el **sinograma** correspondiente.

La metodología de construcción del sinograma se ilustra en la Figura 4.42. En el ejemplo, para simplificar, hemos supuesto proyecciones con 7 columnas ($N_{col}=7$), aunque en nuestro caso sería de 30 columnas. El número de proyecciones es lo que hemos denominado N_{proy} y que en nuestro caso sería de 120 proyecciones. El número de filas N_{fila} es igual a N_{col} , por tanto, 7 filas en el ejemplo.

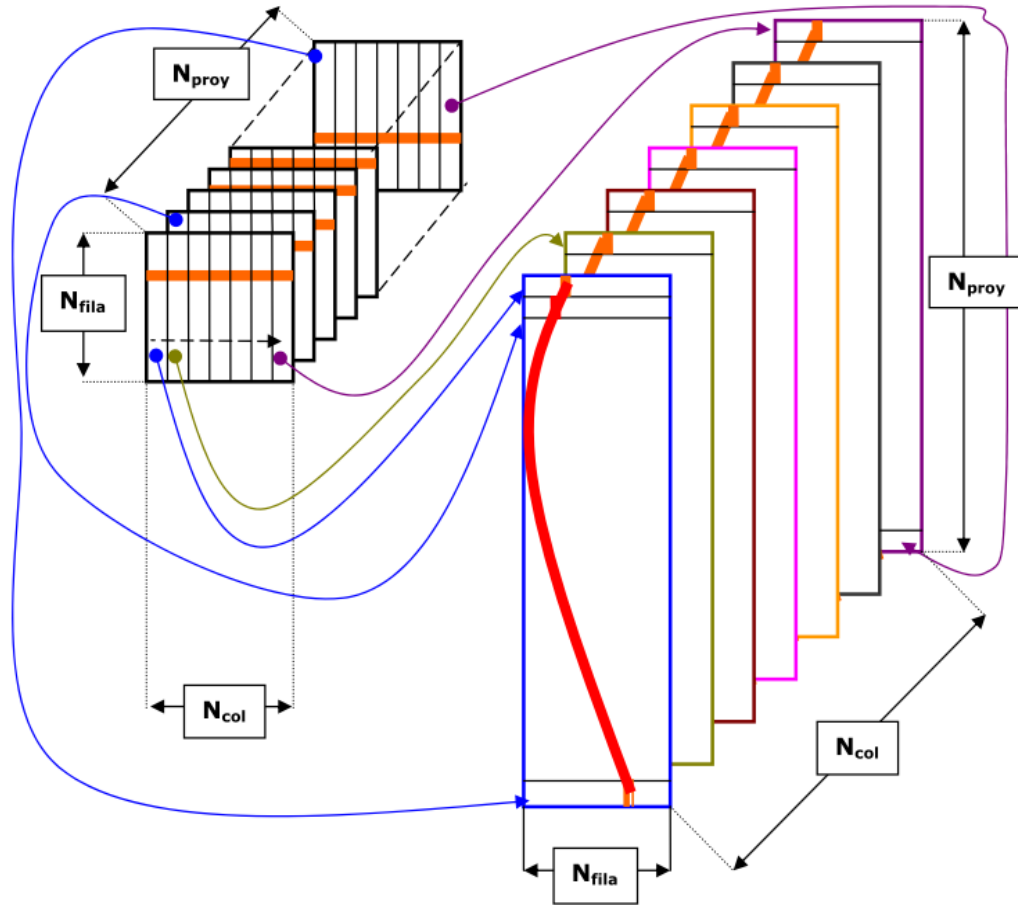


Figura 4.42. Ejemplo de construcción de un sinograma. Las proyecciones en este caso son de 7x7 y han sido adquiridas en un barrido de 360° con pasos de 3 grados.

La interfaz de reconstrucción, tras completar la lectura de cada proyección almacenada en la stack (de dimensiones 30x30), colocará las columnas de la misma en posición horizontal en la fila correspondiente a la posición angular de cada sinograma (un sinograma por cada columna). A medida que aumenta la posición angular y se lee una nueva proyección, las columnas se irán apilando unas debajo de otras hasta formar el sinograma completo que será utilizado por los algoritmos de reconstrucción.

El diagrama de flujo general de la aplicación implementada, desde que tenemos en el equipo local los archivos generados en la adquisición (archivos en modo lista) hasta que obtenemos la imagen reconstruida es el mostrado en la Figura 4.43.

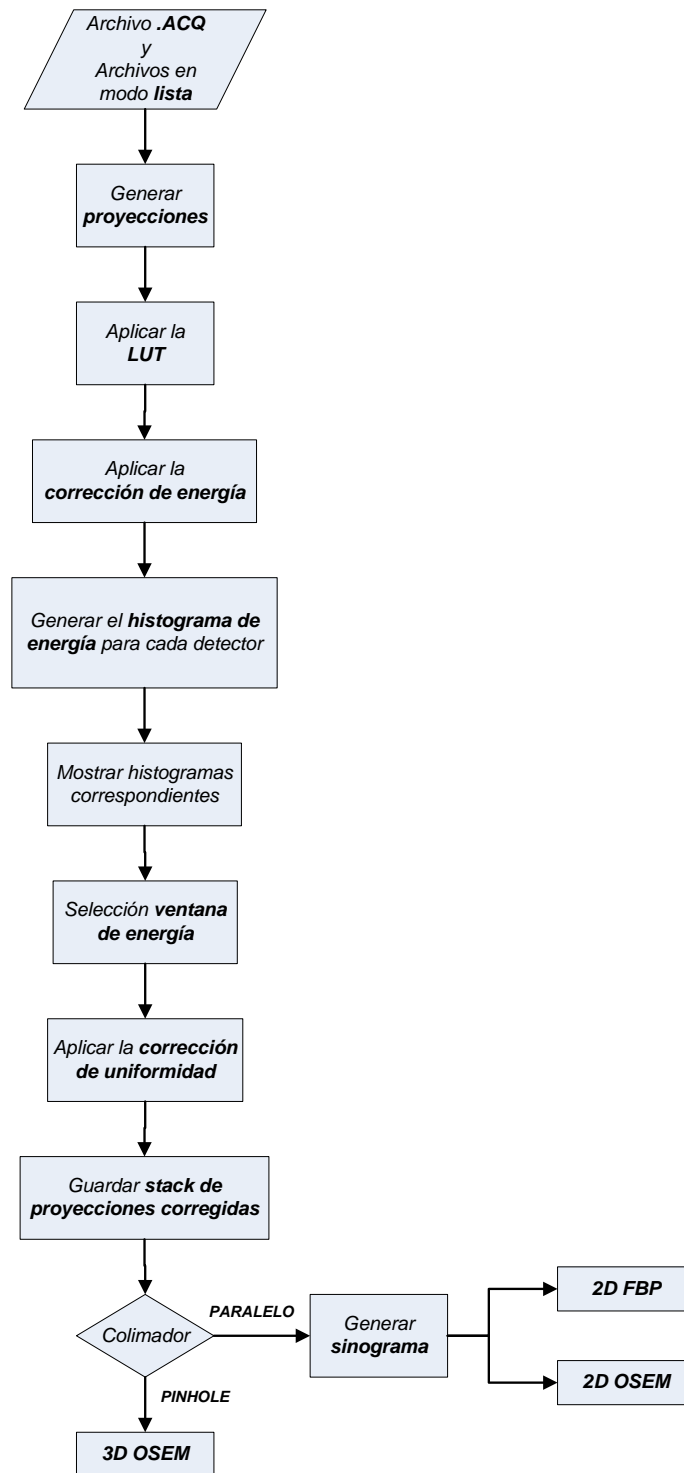


Figura 4.43. Esquema general de la aplicación para obtener la imagen reconstruida.

A continuación, mostramos los diagramas de flujo de cada uno de los procedimientos específicos encargados de reconstruir las imágenes de salida para cada uno de los algoritmos de reconstrucción anteriormente citados.

El objetivo del procedimiento **RecoFBP_SPECT** es, partiendo de las proyecciones corregidas, reconstruir la imagen final mediante el algoritmo analítico FBP en 2D, explicado en la sección 2.9.3. Este procedimiento seguirá los siguientes pasos:

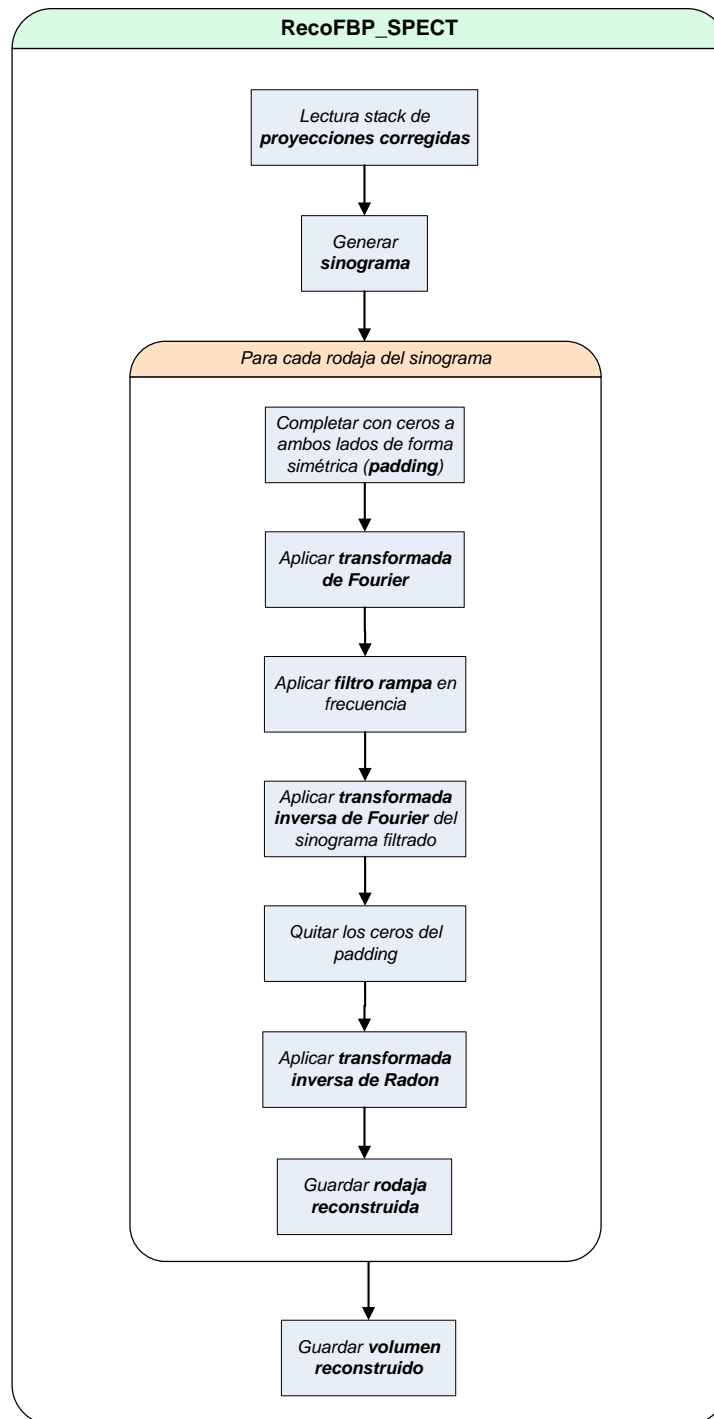


Figura 4.44. Diagrama de flujo del procedimiento encargado de reconstruir la imagen utilizando el algoritmo 2D FBP.

Para el caso del algoritmo iterativo 2D OSEM, el procedimiento **Reco2DOSEM_SPECT**, seguirá los siguientes pasos:

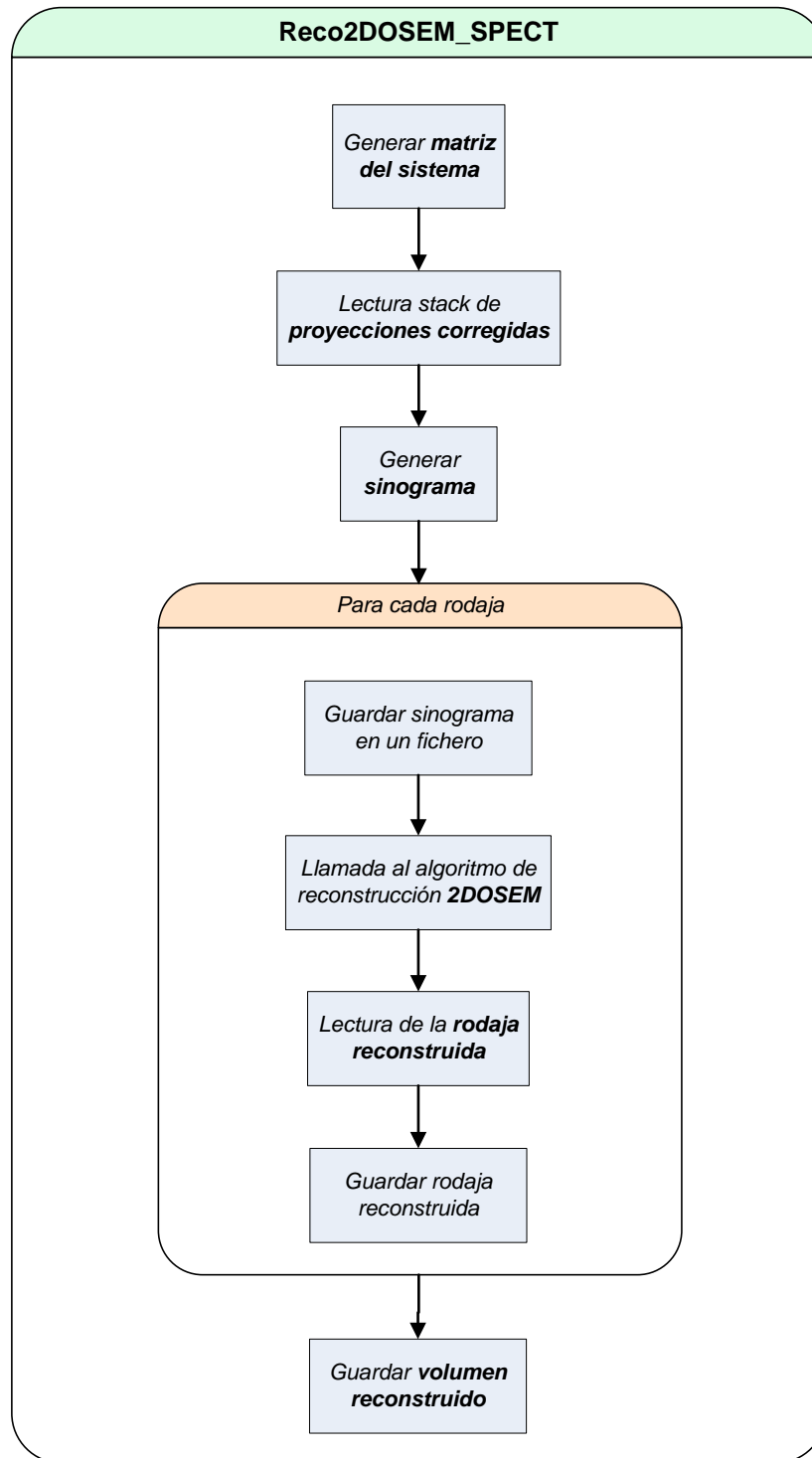


Figura 4.45. Diagrama de flujo del procedimiento encargado de reconstruir la imagen utilizando el algoritmo 2D OSEM.

Para poder reconstruir utilizando el algoritmo 2D OSEM, es necesario generar previamente una matriz del sistema (sección 2.9.3). Para generar dicha matriz, la interfaz de reconstrucción llamará al programa denominado **CreaMatriz2D64.exe**[29] con unos parámetros de entrada que dependen de los parámetros de adquisición y que se leerán directamente del *fichero.ACQ* correspondiente y del fichero denominado *configfile_SPECT.txt* (explicado en la sección 3.2.3 del documento).

A continuación, mostramos una llamada genérica de este programa:

**CreaMatriz2D64.exe PATH_MATRIX_OSEM2D_PARALLEL N_PIXELS
T_PIXEL_OSEM2D_PARALLEL NUM_XTALS T_BIN_PARALLEL
PROJECTIONS ANG MAP_ATEN R_GIR SHIFT_CR_PARALLEL
N_COLLIMATOR_PARALLEL ZEROS_PARALLEL**

En la siguiente tabla, se muestra de dónde se obtienen dichos valores de entrada:

FICHEROS	Fichero configfile_SPECT.txt	Fichero.ACQ
PARÁMETROS DE ENTRADA	<i>NAME_PARALLEL_MATRIX_GENERATOR</i>	<i>NUM_XTALS</i>
	<i>PATH_MATRIX_OSEM2D_PARALLEL</i>	<i>PROJECTIONS</i>
	<i>N_PIXELS</i>	<i>ANG = FIXED_SPIN_ ANGLE/ PROJECTIONS</i>
	<i>T_PIXEL_OSEM2D_PARALLEL</i>	
	<i>T_BIN_PARALLEL</i>	
	<i>MAP_ATEN</i>	
	<i>R_GIR</i>	
	<i>SHIFT_CR_PARALLEL</i>	
	<i>N_COLLIMATOR_PARALLEL</i>	
	<i>ZEROS_PARALLEL</i>	

Tabla 4.9. *Parámetros de entrada del programa CreaMatriz2D64.exe.*

La ejecución de este programa generará la matriz del sistema necesaria como entrada del algoritmo de reconstrucción 2D OSEM. Esta matriz se almacenará en el path especificado por el fichero *configfile_SPECT.txt*.

Para arrancar el programa **osem_2D_paralelo64.exe**[29] encargado de reconstruir cada una de las rodajas del sinograma, la interfaz de reconstrucción tendrá que realizar la llamada con los parámetros que se muestran a continuación:

**osem_2D_paralelo64.exe PATH_SINOGRAM_SLICE PROJFORMAT
PROJECTIONS NUM_XTALS RECTYPE
PATH_MATRIX_OSEM2D_PARALLEL N_ITERATIONS
RELAXATION NORMALIZATION N_SUBSETS SEGONES_PROJ
N_X RECFORMAT PRIMERAIM STEP_ITERATIONS SAVESEQ**

Estos parámetros (Tabla 4.10) se obtendrán de la lectura de los ficheros *configfile_SPECT.txt*, el fichero *ACQ* y del valor introducido por el usuario en la ventana de reconstrucción mostrada en la sección 4.3.1 del documento.

OBTENCIÓN	Fichero <i>configfile_SPECT.txt</i>	Fichero.ACQ	Ventana de reconstrucción
PARÁMETROS DE ENTRADA	<i>NAME_PROG_OSEM_2D</i>	<i>NUM_XTALS</i>	<i>N_ITERATIONS</i>
	<i>PATH_SINOGRAM_SLICE</i>	<i>N_X=2* NUM_XTALS</i>	<i>N_SUBSETS</i>
	<i>PROJFORMAT</i>	<i>PROJECTIONS</i>	<i>STEP_</i> <i>ITERATIONS=</i> <i>N_ITERATIONS</i>
	<i>RECTYPE</i>		
	<i>PATH_MATRIX_OSEM_2D_PARALLEL</i>		
	<i>RELAXATION</i>		
	<i>NORMALIZATION</i>		
	<i>SEGONES_PROJ</i>		
	<i>RECFORMAT</i>		
	<i>PRIMERAIM</i>		
	<i>SAVESEQ</i>		

Tabla 4.10. *Parámetros de entrada del programa osem_2D_paralelo64.exe.*

La llamada a este programa generará varios ficheros:

- Un fichero denominado **p.seq**, que contiene la rodaja del sinograma reconstruida.
- Un fichero denominado **progress_file.log**, donde el programa escribe cuánto queda para acabar la reconstrucción de esa rodaja en tanto por ciento (sólo el número). Si todo ha ido bien, en el fichero pondrá “100”. En caso de que haya habido algún error en la reconstrucción, el programa escribirá en ese fichero “-1”.
- Un fichero denominado **error_file.log**, donde el programa escribe el mensaje de error en caso de que haya habido alguno (cuando en el fichero *progress_file.log* hay un “-1”).

La interfaz de reconstrucción se encarga de leer el fichero `progress_file.log`, mientras se está reconstruyendo cada una de las rodajas, para detectar posibles errores en la ejecución del programa e informar al usuario del tiempo que queda para que la ejecución finalice. En el caso de leer el valor -1, la interfaz pasará a leer el fichero `error_file.log`, para conocer cuál ha sido el error producido e informar al usuario en la ventana de reconstrucción.

Para el caso del algoritmo iterativo 3D OSEM, el procedimiento **Reco3DOSEM_SPECT**, seguirá los siguientes pasos:

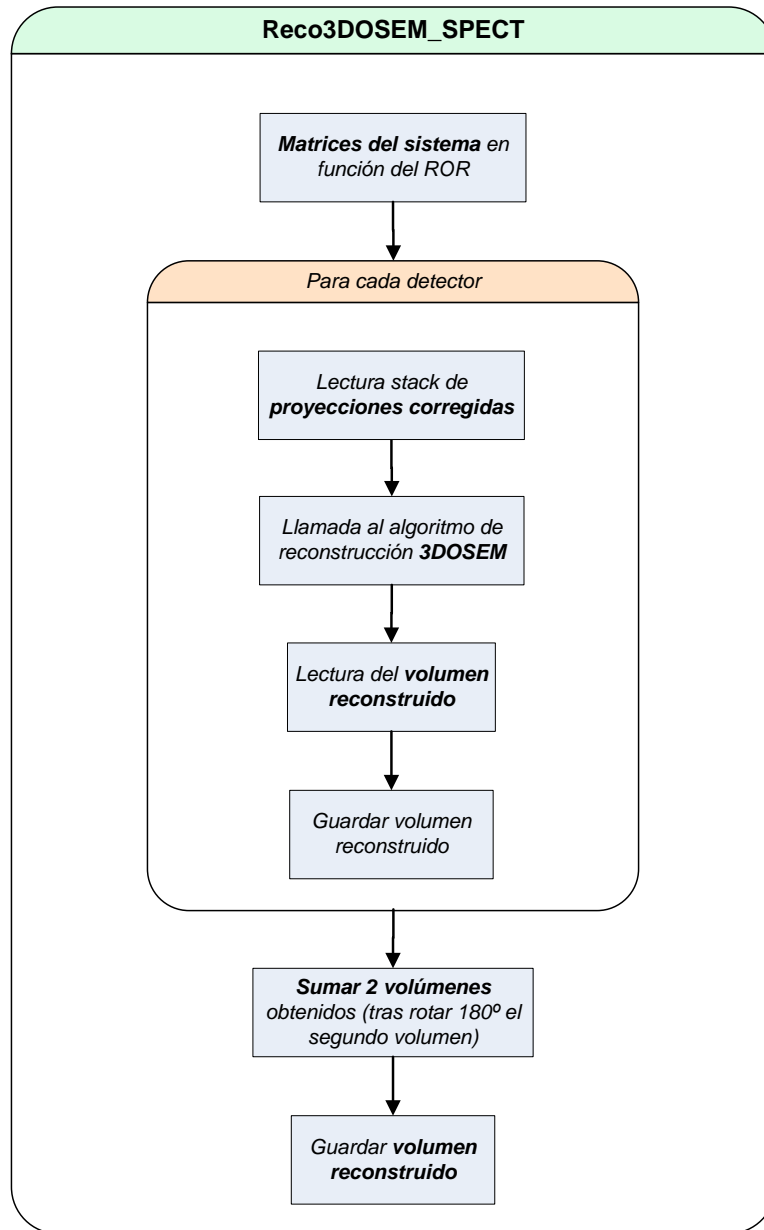


Figura 4.46. Diagrama de flujo del procedimiento encargado de reconstruir la imagen utilizando el algoritmo 3D OSEM.

En este caso, las matrices del sistema de partida son generadas previamente por la interfaz de calibración del sistema FSPECT. Dado que en un algoritmo 3D es mucho más costoso computacionalmente el generar las matrices del sistema, éstas se encuentran precalculadas en un path especificado por el fichero *configfile_SPECT.txt*.

Para arrancar el programa **OSEMPinhole3D_32bits.exe**[30], encargado de reconstruir el volumen correspondiente a las proyecciones que han sido captadas por cada uno de los detectores, la interfaz de reconstrucción tendrá que realizar la llamada con los parámetros que se muestran a continuación:

**OSEMPinhole3D_32bits.exe PATH_FILE_PROJ3D PROJFORMAT
PROJECTIONS NUMBER_BIN_PROJ NUM_XTALS
PATH_MATRIX_OSEM3D_PINHOLE N_ITERATIONS
NORMALIZATION N_SUBSETS PATH_REC_IMAGE
PIXEL_RECONS NUMBER_SLICES RECFORMAT RADIUS_REC
PIXEL_SIZE BAYESIAN_PARAMETER**

Estos parámetros (Tabla 4.11) se obtendrán de la lectura de los ficheros *configfile_SPECT.txt* y el *fichero.ACQ* (al igual que en el caso anterior) y del valor introducido por el usuario en la ventana de reconstrucción mostrada en la sección 4.3.1.

OB- TEN- CIÓN	Fichero <i>configfile_SPECT.txt</i>	Fichero.ACQ	Ventana de reconstrucción	Código interno
P A R Á M E T R O S D E E N T R A D A	<i>NAME_PROG_OSEM_3D</i>	<i>NUMBER_BIN_PROJ</i>	<i>N_ITERATIONS</i>	<i>RADIUS_REC=</i>
	<i>PATH_FILE_PROJ3D</i>	<i>NUM_XTALS</i>	<i>N_SUBSETS</i>	<i>PIXEL_RECONS*</i>
	<i>PROJFORMAT</i>	<i>PROJECTIONS</i>	<i>PATH_REC_IMAGE</i>	<i>PIXEL_SIZE/2</i>
	<i>PATH_MATRIX_OSEM3D_PINHOLE</i>			
	<i>NORMALIZATION</i>			
	<i>PIXEL_RECONS</i>			
	<i>NUMBER_SLICES</i>			
	<i>RECFORMAT</i>			
	<i>PIXEL_SIZE</i>			
	<i>BAYESIAN_PARAMETER</i>			

Tabla 4.11. Parámetros de entrada del programa *OSEMPinhole3D_32bits.exe*.

La llamada a este programa generará varios ficheros:

- Un fichero denominado **volumex.img** (donde $x = 1, 2$ dependiendo del detector), que contiene el volumen reconstruido.
- Un fichero denominado **progress_file.log**, donde el programa escribe cuánto queda para acabar la reconstrucción de esa rodaja en tanto por ciento (sólo el número). Si todo ha ido bien, en el fichero pondrá “100”. En caso de que haya habido algún error en la reconstrucción, el programa escribirá en ese fichero “-1”.
- Un fichero denominado **error_file.log**, donde el programa escribe el mensaje de error en caso de que haya habido alguno (cuando en el fichero progress_file.log hay un “-1”).

La interfaz de reconstrucción se encarga de leer cada 5 segundos el fichero progress_file.log para detectar posibles errores en la ejecución del programa e informar al usuario sobre el tiempo que queda para finalizar. En el caso de leer el valor “-1”, la interfaz pasará a leer el fichero error_file.log, para conocer cuál ha sido el error producido e informar al usuario en la ventana de reconstrucción correspondiente.

Una vez obtenidos los 2 volúmenes (procedente de cada uno de los dos detectores), se rotará 180 grados el segundo volumen (ya que los datos fueron adquiridos cuando los detectores tenían instalados los colimadores pinhole) y se sumarán ambos volúmenes para obtener la imagen reconstruida resultante.

POSTPROCESADO DE LAS IMÁGENES RECONSTRUIDAS

Una vez se han reconstruido las imágenes, la herramienta desarrollada permite realizar un post-filtrado sobre la imagen reconstruida para limitar las componentes que sólo contienen ruido, facilitando así la visualización de la imagen resultante.

Una vez transformada la actividad de los píxeles de la imagen reconstruida en frecuencias, la variación de frecuencia entre un píxel y otro puede manipularse matemáticamente, es decir, filtrarse, para obtener una imagen de mejor calidad en la que habremos seleccionado las frecuencias que nos interesan. Los filtros en Medicina Nuclear[31] se seleccionan en función del ruido de las imágenes adquiridas.

En la Figura 4.47, se muestra el diagrama de flujo implementado en el procedimiento para realizar el filtrado de las imágenes reconstruidas.

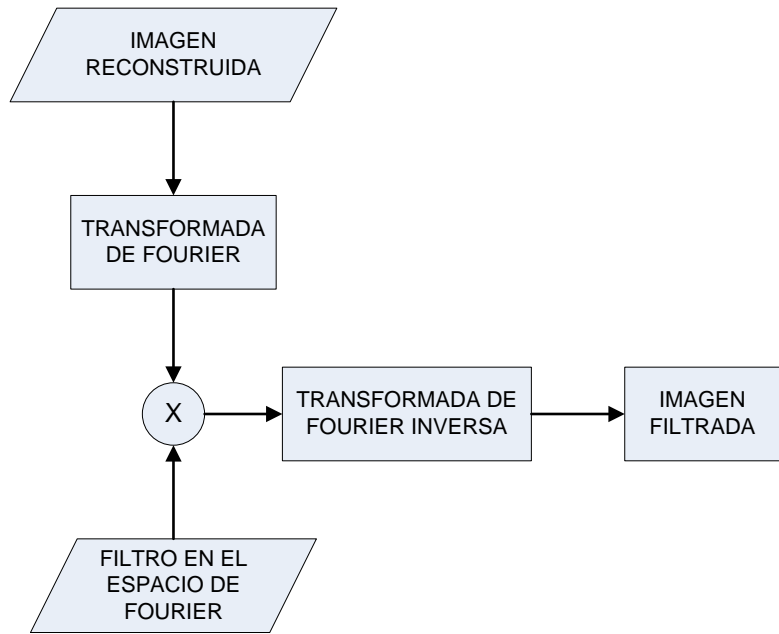
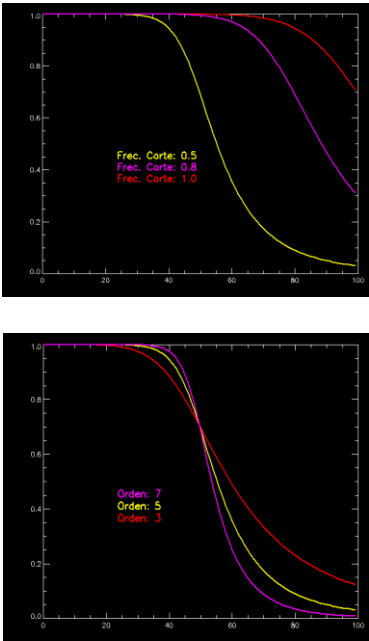


Figura 4.47. Diagrama de flujo utilizado para obtener la imagen reconstruida filtrada.

De entre los múltiples filtros paso bajo existentes, se han implementado en la aplicación los recogidos en la siguiente tabla:

<i>FILTRO</i>	<i>ECUACIÓN DE TRANSFERENCIA</i>	<i>REPRESENTACIÓN GRÁFICA</i>
BUTTERWORTH	$ H(j\omega) = \frac{1}{\sqrt{1 + \left(\frac{w}{w_c}\right)^{2n}}}$ <p>Donde: w_c es la frecuencia de corte y n es el orden del filtro</p>	

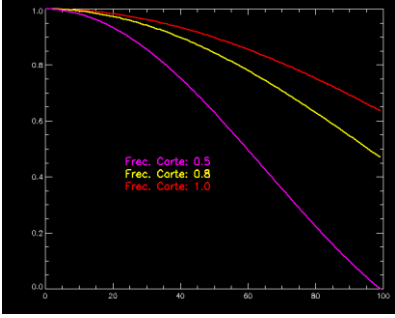
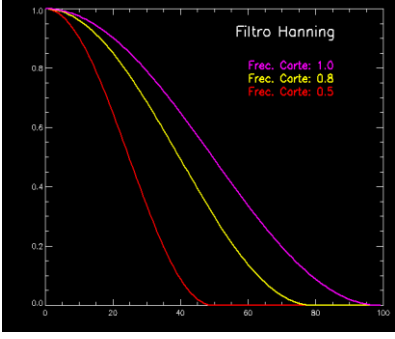
SHEPP-LOGAN	$ H(j\omega) = \frac{\text{sen}\left(\frac{w \cdot \pi}{2 \cdot w_c}\right)}{\frac{w \cdot \pi}{2 \cdot w_c}}$ <p>Donde: w_c es la frecuencia de corte</p>	
HANNING	$ H(j\omega) = 0.5 + 0.5 \cdot \cos\left(\pi \cdot \left(\frac{w}{w_c}\right)\right)$ <p>Donde: w_c es la frecuencia de corte</p>	
COSINE	$ H(j\omega) = \cos\left(\frac{\pi \cdot w}{2 \cdot w_c}\right)$ <p>Donde: w_c es la frecuencia de corte</p>	

Tabla 4.12. Filtros utilizados en la aplicación de reconstrucción.

Uno de los filtros más difundidos en Medicina Nuclear es el **Butterworth**, que funciona especialmente bien para SPECT. Este filtro posee dos parámetros que lo definen: la *frecuencia de corte* y el *orden*. Con este filtro, las frecuencias bajas de la imagen son multiplicadas por la unidad, de manera que no se produce efecto alguno; a mayores frecuencias, el valor del filtro es menor que 1 de modo que la amplitud se reduce y, en consecuencia, la imagen se suaviza. El filtro cae más o menos abruptamente a la frecuencia de corte seleccionada, siendo que la pendiente de esta caída está definida por su otro parámetro, el orden.

A continuación analizamos el efecto que produce modificar estos parámetros:

- Al cambiar el orden del filtro se modifica la pendiente de la curva, pero en realidad esto conlleva un escaso efecto sobre el resultado final.
- Los cambios en la frecuencia de corte producen efectos importantes:
 - Si disminuye, el resultado es un incremento en el efecto de suavizado.
 - Si aumenta, se obtiene una imagen más ruidosa.

Una imagen muy suavizada, aunque poco ruidosa, pierde resolución (sus bordes aparecen borrosos) y por el contrario, una imagen menos suavizada aunque de mayor resolución, puede ser difícil de interpretar debido al componente de ruido. Por tanto, la selección de los parámetros del filtro debe representar un compromiso entre la cantidad de *ruido* tolerable en la imagen y el grado de *resolución* que estamos dispuestos a sacrificar para eliminar el ruido.

Tanto la imagen reconstruida, como la imagen filtrada se guardan con un formato definido por la aplicación de reconstrucción.

Una vez reconstruida la imagen, se creará un *objeto* (definido en el lenguaje de programación IDL como objeto Imagen), que contiene datos relativos al estudio realizado y datos del paciente. Entre sus múltiples propiedades, destacamos:

PROPIEDADES		DESCRIPCIÓN
IMAGE REPRESENTATION DATA		
PixelData	Puntero a una matriz que contiene los datos crudos de la imagen. Puede ser 2D o 3D (si la imagen tiene más de un frame).	
NumberOfDimensions	Número de dimensiones de la imagen (2D o 3D).	
DimArray	Puntero a un array que contiene las dimensiones de la imagen.	
PixelSize	Puntero a un array que contiene los tamaños de píxel.	
IMAGE INFORMATION		
Type	Tipo de datos de la imagen definido en IDL: 0-Undefined,1-Byte, 2-Integer, 3-Long, 4-Float , 5-Double, 6-Complex, 7-String.	
STUDY INFORMATION		
ModalityType	Tipo de imagen: PET, SPECT, CT, MRI,...	
StudyDate	Fecha en que se realiza el estudio.	

<i>StudyTime</i>	Hora en que se realiza el estudio.
<i>StudyId</i>	Identificador del estudio.
<i>StudyDescription</i>	Descripción del estudio.
<i>InstitutionName</i>	Nombre del hospital donde se realiza el estudio.
SERIES INFORMATION	
<i>PatientPosition</i>	Posición del paciente.
<i>PatientData</i>	Objeto Paciente que se corresponde con la imagen.
<i>PatientId</i>	Identificador del paciente.
<i>PatientSize</i>	Altura del paciente.
<i>Name</i>	Nombre del paciente.
<i>Sex</i>	Sexo del paciente.
<i>Age</i>	Edad del paciente.
<i>Weight</i>	Peso del paciente.
FRAME INFORMATION	
<i>NumberOfFrames</i>	Número de <i>frames</i> .
SPECT	
<i>NumberBeds</i>	Número de posiciones de cama adquiridas.
<i>NumberProjections</i>	Número de proyecciones adquiridas.
<i>IsotopeName</i>	Nombre del isótopo inyectado al paciente.
<i>IsotopeHalfLife(sec)</i>	Vida media del isótopo utilizado (segundos).
<i>ScantimeDose</i>	Dosis inyectada al paciente.
<i>LowEnergyThreshold(keV)</i>	Valor del canal de energía mínimo del fotopico característico del isótopo utilizado.
<i>UpEnergyThreshold(keV)</i>	Valor del canal de energía máximo del fotopico característico del isótopo utilizado.
<i>ReconstructionMethod</i>	Algoritmo de reconstrucción utilizado.
<i>ReconstructionDetails</i>	Parámetros de entrada del algoritmo de reconstrucción.
<i>FilterName</i>	Nombre del filtro utilizado (post-filtrado adicional).
<i>FilterParameters</i>	Parámetros del filtro: frecuencia de corte, orden.

Tabla 4.13. *Propiedades destacadas del objeto Imagen.*

Cuando el usuario decide grabar la imagen reconstruida o la imagen filtrada, posteriormente obtenida, se guardará toda la información del objeto imagen en dos ficheros. Uno de ellos contiene toda la *información* sobre la imagen (cabecera) que tiene la extensión *.hdr* y el otro contiene los *datos* crudos de la imagen que tiene la extensión *.img*.

4.3.1. DESARROLLO DE LA INTERFAZ DE RECONSTRUCCIÓN DE IMÁGENES DEL TOMÓGRAFO FSPECT

En la siguiente figura, mostramos el diagrama de flujo que sigue la interfaz de reconstrucción, que a continuación pasamos a describir. El color naranja implica acción por parte del usuario de la aplicación y el color azul indica acción que realiza la interfaz desarrollada internamente.

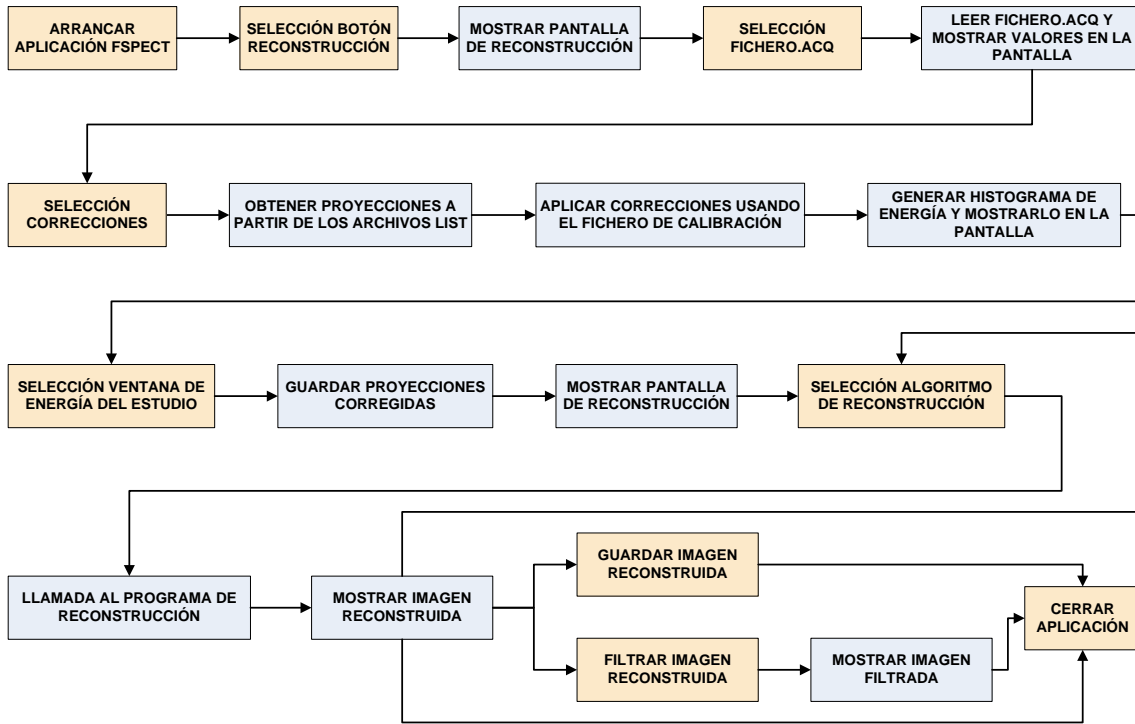


Figura 4.48. Diagrama de flujo de la interfaz de reconstrucción de imágenes.

En este caso, al arrancar la aplicación **FSPECT** el usuario debe seleccionar el botón *RECONSTRUCTION*, como se representa en la siguiente figura.

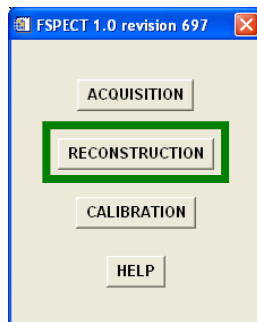


Figura 4.49. Interfaz de inicio de la aplicación *FSPECT*. Selección del botón *RECONSTRUCTION*.

En ese momento, se empezará a ejecutar el procedimiento **spect_reconstruction.pro** que recoge toda la funcionalidad requerida para la reconstrucción de imágenes SPECT y se mostrará la primera ventana de reconstrucción denominada **Reconstruction**, que podemos ver en la Figura 4.50.

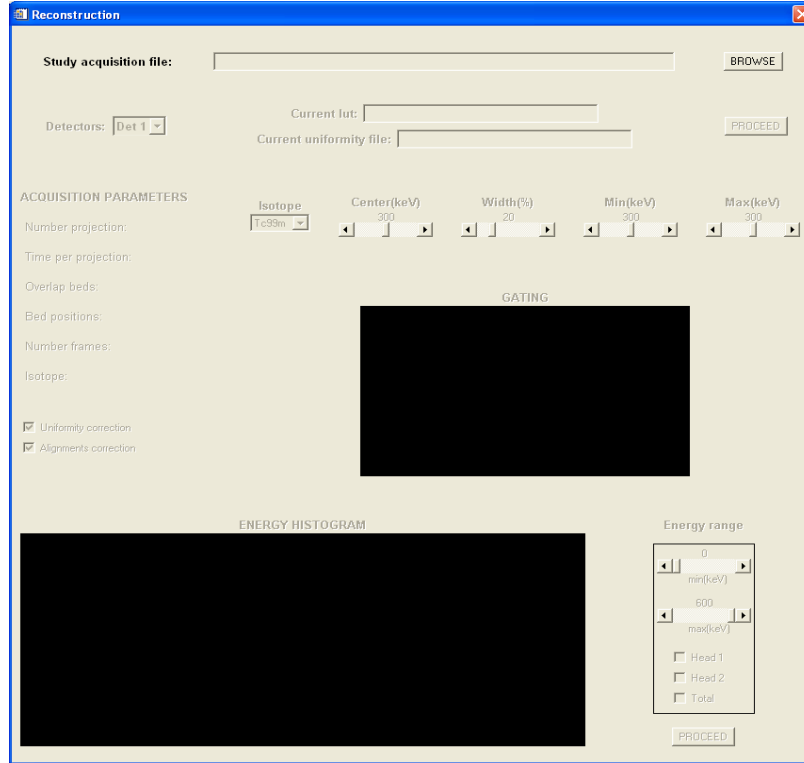


Figura 4.50. Ventana inicial de la interfaz de reconstrucción del tomógrafo FSPECT.

Inicialmente esta ventana sólo tendrá habilitado el botón **BROWSE**, por tanto, el usuario pulsará este botón para elegir un fichero de adquisición. Tras seleccionar un *fichero. ACQ*, la interfaz leerá este fichero para rellenar los parámetros de la adquisición (parte central de la ventana), rellenar los nombres de los ficheros que se usarán posteriormente para corregir las proyecciones, actualizar los valores de la parte central de la pantalla en función del isótopo utilizado en la adquisición, el canal de energía del fotopico, el tamaño de la ventana de energía y calcular el canal de energía máximo y mínimo en función de esos valores para mostrarlos en la ventana.

La interfaz de usuario determinará si el archivo seleccionado es correcto en lo que a formato se refiere y si así es aparecerá un mensaje en pantalla que pide al usuario que presione el botón **OK** del mismo (Figura 4.51) para que la aplicación comience a realizar el pre-proceso de los datos explicado en el apartado anterior consistente en determinar el espectro de energía para cada cristal y aplicar la corrección de energía necesaria para alinear y escalar estos espectros a una referencia común.

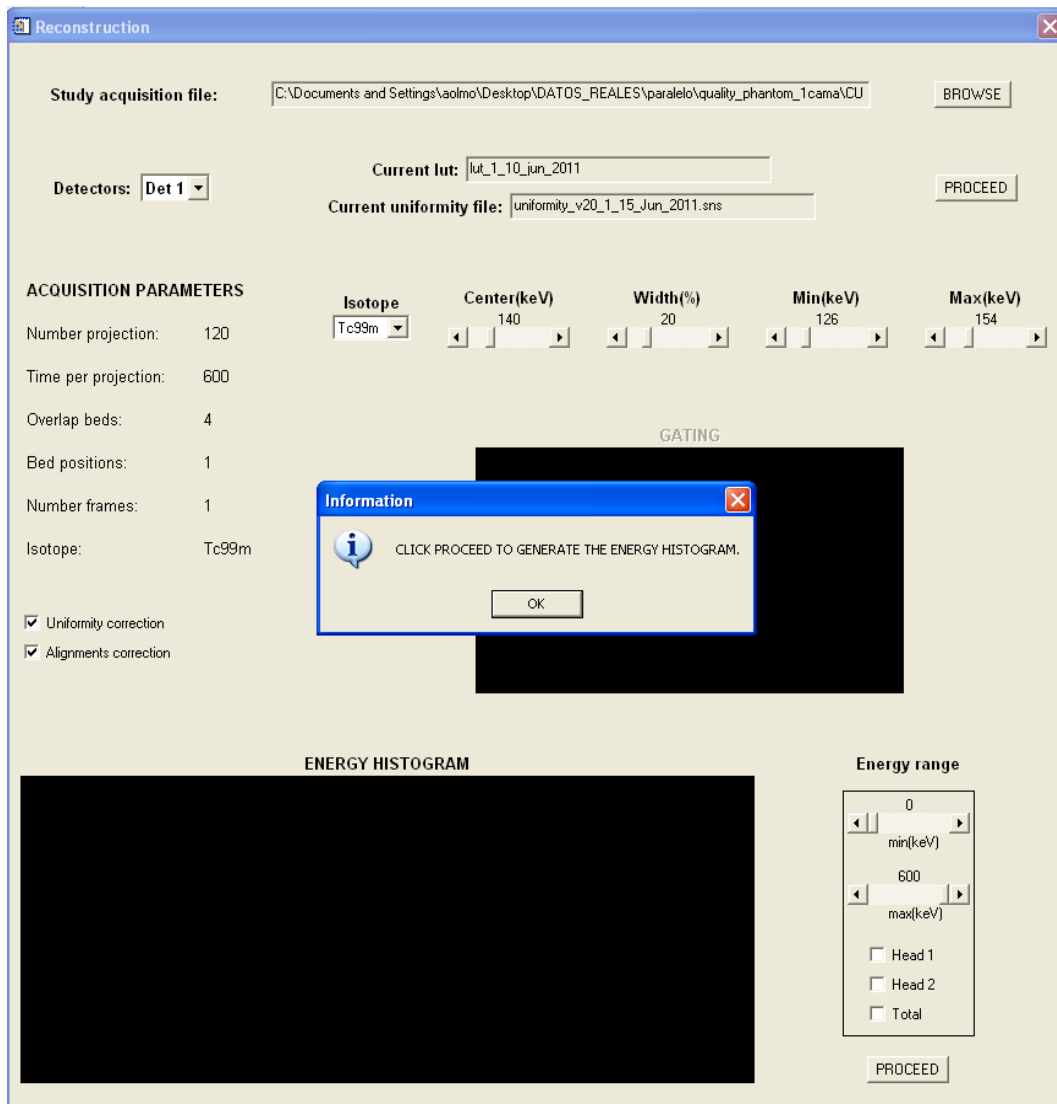


Figura 4.51. Mensaje informativo para generar el histograma de energía de ambos detectores.

A partir de este evento, el software generará a partir de los **archivos lista** las **proyecciones** sobre las que se aplicarán las correcciones y se generará el histograma de energía correspondiente. Una vez finalizado el proceso, se mostrará un mensaje informativo al usuario y éste, podrá ver el histograma de energía de cada uno de los detectores (Figura 4.52).

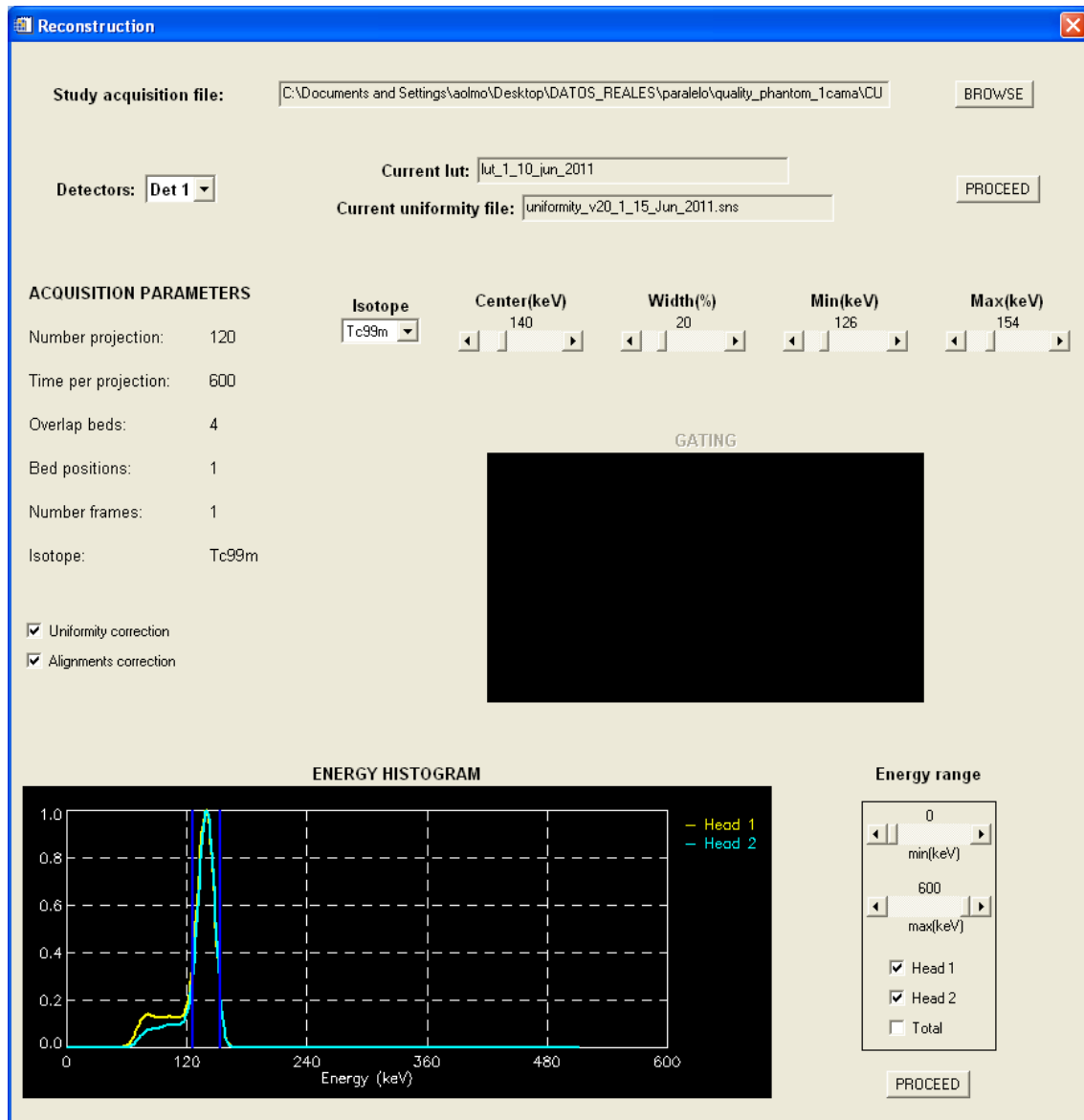


Figura 4.52. Ejemplo de histograma de energía obtenido para los 2 detectores.

En función del valor del canal de energía del fotopico, en nuestro caso 140 keV para el Tecnecio-99m, obtenido al leer el fichero.ACQ y del valor de la ventana de energía seleccionada, que es del 20% en este caso, la interfaz calculará los valores de los canales de energía máximo y mínimo de la siguiente manera:

$$\text{Canal_mínimo(keV)} = \text{canal_fotopico} - 10\% \text{ de canal_fotopico} = 140 - (10/100 \times 140) = 126 \text{ keV}$$

$$\text{Canal_máximo(keV)} = \text{canal_fotopico} + 10\% \text{ de canal_fotopico} = 140 + (10/100 \times 140) = 154 \text{ keV}$$

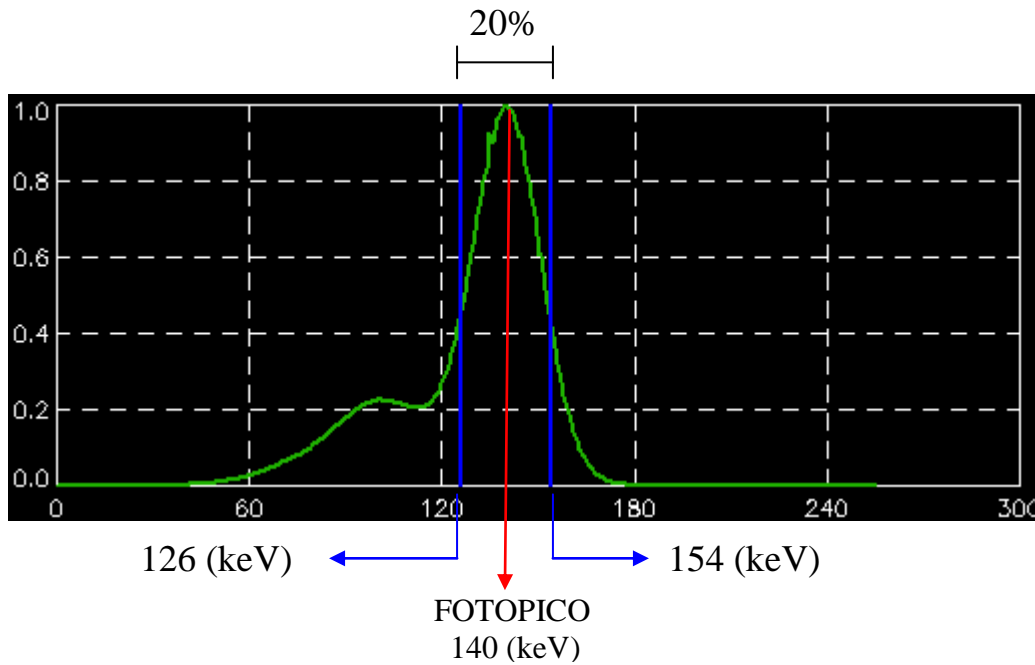


Figura 4.53. Obtención de los canales de energía máximo y mínimo para el caso del Tecnecio-99m, siendo la ventana de energía del 20%.

En esta misma ventana también se puede seleccionar ver el histograma de energía para cada uno de los detectores por separado o para la suma de ambos, pulsando los botones correspondientes (**Head 1**, **Head 2**) o la suma de ambos (**Total**). Si se seleccionan los tres botones a la vez, se mostrará simultáneamente la representación de los dos detectores y de la suma del histograma de ambos detectores (Figura 4.54).

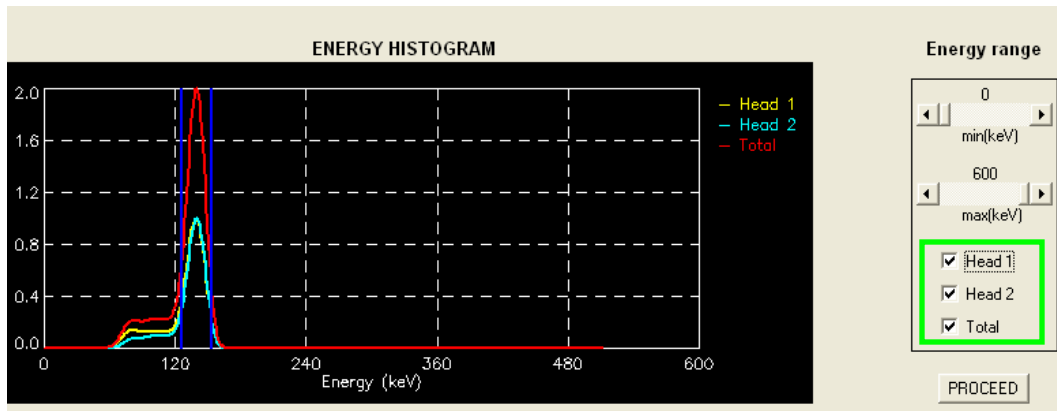


Figura 4.54. Selección de los botones Head 1, Head 2 y Total.

El usuario puede ajustar el rango de energía del histograma para obtener una mejor visualización. Para ello, usará las barras de desplazamiento que tiene disponibles en la parte derecha del histograma de energía. Por otra parte, también es posible ajustar la ventana de energía manualmente mediante barras de desplazamiento denominadas **Min(keV)** y **Max(keV)**, mostradas en la Figura 4.55.

Al hacer esto, el usuario podrá ver cómo las barras verticales azules que sirven para delimitar dicha ventana se desplazan bien a la derecha o bien a la izquierda en función de si el usuario ha movido la barra de desplazamiento Min(keV) o Max(keV) tanto a la izquierda como a la derecha. Por ejemplo, si movemos las barras de desplazamiento Min(keV) y Max(keV), las barras verticales que delimitan la ventana de energía se moverán tantas unidades como el usuario haya indicado y a la vez la interfaz calculará el nuevo valor de la ventana de energía.

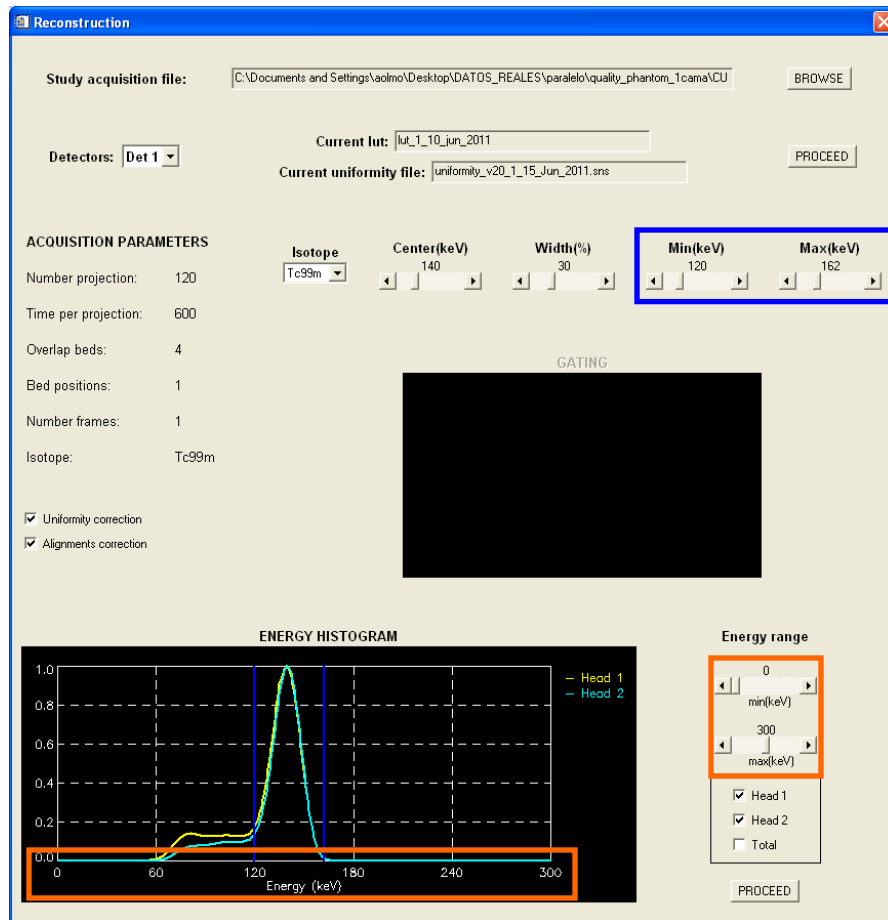


Figura 4.55. Utilización de las barras de desplazamiento Min(keV) y Max(keV) de la ventana de reconstrucción.

El usuario también podrá modificar el valor del canal de energía donde se encuentra el fotopico del isótopo utilizado si así lo considera oportuno, utilizando la barra de desplazamiento denominada **Center(keV)** ubicada en la parte central de la pantalla. En este caso, se verán modificados el valor de los canales de energía Max(keV) y Min(keV) y las barras encargadas de limitar la ventana de energía se desplazarán a la vez, en función del valor seleccionado por el usuario.

El usuario en cualquier momento podrá cerrar la aplicación pulsando X y confirmando su salida.

Una vez se ha seleccionado la ventana de energía adecuada, el usuario pulsará el botón **Proceed** (de la parte inferior de la ventana) e internamente se generarán las proyecciones corregidas para cada uno de los 2 detectores. Mientras se lleva a cabo este proceso, la ventana que se muestra al usuario es la siguiente:

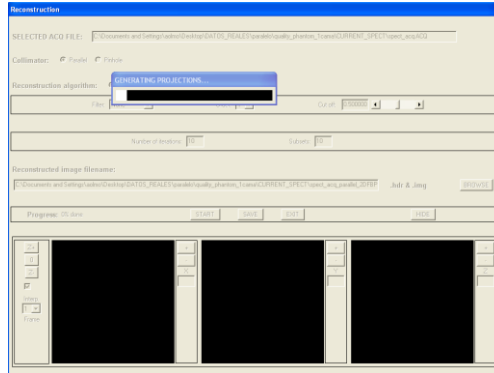


Figura 4.56. Barra de desplazamiento mostrada al usuario mientras se están generando las proyecciones corregidas.

Una vez finalizado el proceso, el conjunto de proyecciones corregido se almacena en los directorios predefinidos por la aplicación y se mostrará un mensaje en pantalla al usuario indicando este hecho. Tras esto, el usuario se encontrará con una nueva ventana (Figura 4.57), que es la encargada de reconstruir las imágenes tras seleccionar qué algoritmo se desea utilizar y sus parámetros.

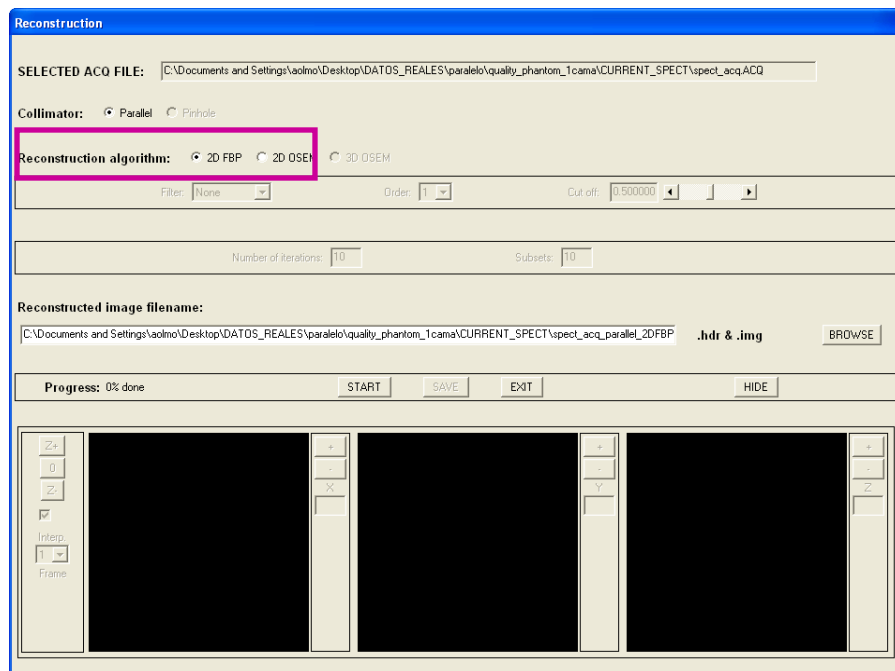


Figura 4.57. Ventana de reconstrucción del tomógrafo FSPECT para el caso de datos adquiridos con colimador de agujeros paralelos.

Por defecto aparecerán en la ventana, la ruta del fichero.ACQ seleccionado en la primera ventana de reconstrucción y el colimador con el que estaba equipada la gamma cámara al adquirir los datos. En función del colimador instalado podremos reconstruir con distintos algoritmos tal y como se indica en la Tabla 4.14.

TIPO DE COLIMADOR	PARALELO	PINHOLE
ALGORITMOS DE RECONSTRUCCIÓN	2D FBP(Filtered Back Projection)	3D OSEM (Ordered Subsets Expectation Maximization)
	2D OSEM	

Tabla 4.14. Algoritmos de reconstrucción en función del tipo de colimador instalado en los detectores durante la adquisición de datos.

La imagen reconstruida tiene un nombre definido por defecto que se construirá con *nombreficheroACQ_tipocolimador_algoritmoreconstruccion*. Ésta, se almacenará por defecto en el mismo directorio de donde se leyó el fichero.ACQ necesario para realizar la reconstrucción, si el usuario no cambia el path. Si el usuario quiere guardar la imagen reconstruida en otro directorio, tendrá que pulsar el botón **BROWSE** y seleccionar el directorio donde desea almacenar la imagen final o directamente podrá escribirlo en el espacio reservado para ello. Si hay algún error, el usuario será avisado mediante mensajes.

En cuanto a los botones existentes en la pantalla, son los siguientes:

- **START:** El usuario lo pulsará cuando quiera comenzar con la reconstrucción de la imagen.
- **SAVE:** Este botón se habilitará cuando se haya finalizado la reconstrucción. Sirve para guardar la imagen reconstruida. También servirá para guardar una imagen filtrada.
- **EXIT:** Este botón también se habilitará cuando se haya finalizado la reconstrucción. Permitirá cerrar la aplicación de reconstrucción.
- **HIDE:** No está implementado en esta versión inicial del tomógrafo. Servirá para ocultar la ventana de reconstrucción.

Tras pulsar el botón **START** se arrancará la reconstrucción usando el algoritmo seleccionado por el usuario. Mientras se está ejecutando la reconstrucción, una barra de progreso se irá actualizando, para informar al usuario de qué tanto por ciento lleva realizado el programa de reconstrucción. Una vez finalizada la reconstrucción, se mostrará en la parte inferior de la ventana el corte sagital, coronal y axial de la imagen resultante y se habilitarán el botón **SAVE** para guardar la imagen reconstruida y la parte central de la pantalla para poder realizar un filtrado adicional.

El filtro que el usuario decida aplicar se seleccionará desde el desplegable denominado **Filter**:

- *Filtro None*: Opción que aparece seleccionada por defecto.
- *Filtro Hanning*: Al seleccionarlo, el usuario deberá elegir la frecuencia de corte del filtro. Por defecto, la frecuencia de corte es 0.50.
- *Filtro Cosine*: Al igual que en el caso anterior, el usuario deberá escoger la frecuencia de corte del filtro (por defecto, es 0.50).
- *Filtro Butterworth*: Al elegirlo, el usuario deberá seleccionar la frecuencia de corte del filtro (por defecto, es 0.50) y el orden. En cuanto al orden, el usuario podrá elegir entre 1 y 20 del desplegable que aparece en la parte central de la ventana.
- *Filtro Sheep-Logan*: El usuario deberá escoger también la frecuencia de corte del filtro (por defecto, es 0.50).

Al seleccionar el filtro que el usuario prefiera, la interfaz llamará a un procedimiento, que filtrará la imagen reconstruida (apartado *post-procesado de las imágenes reconstruidas* dentro de la sección 4.3 del documento) mostrándose el resultado en la parte inferior de la ventana. Si el usuario quiere guardarla, tendrá que seleccionar de nuevo el botón **SAVE**. O también podrá seleccionar otro filtro y repetir el proceso. Si el usuario quiere reconstruir usando otro algoritmo, sólo tendrá que seleccionarlo y pulsar de nuevo el botón **START**.

En la Figura 4.58, se muestra el resultado obtenido tras aplicar sobre las proyecciones correspondientes a un maniquí de calibración los ficheros de corrección generados por la aplicación de calibración.

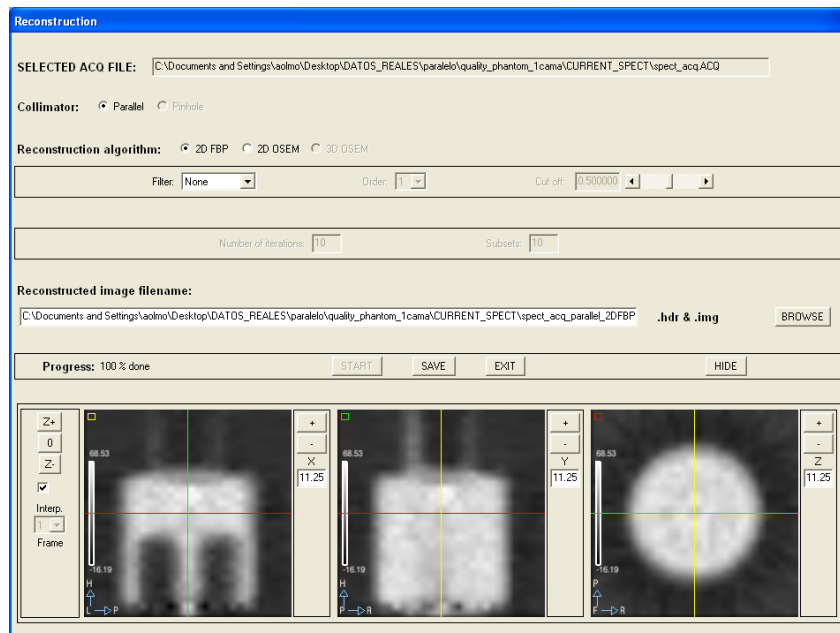


Figura 4.58. Maniquí de calibración reconstruido con la aplicación, usando 2D FBP.

Si el usuario decide filtrar la imagen reconstruida utilizando el filtro *Butterworth* de orden 10 y frecuencia de corte 0.50 veremos cambios considerables en la imagen (Figura 4.59).

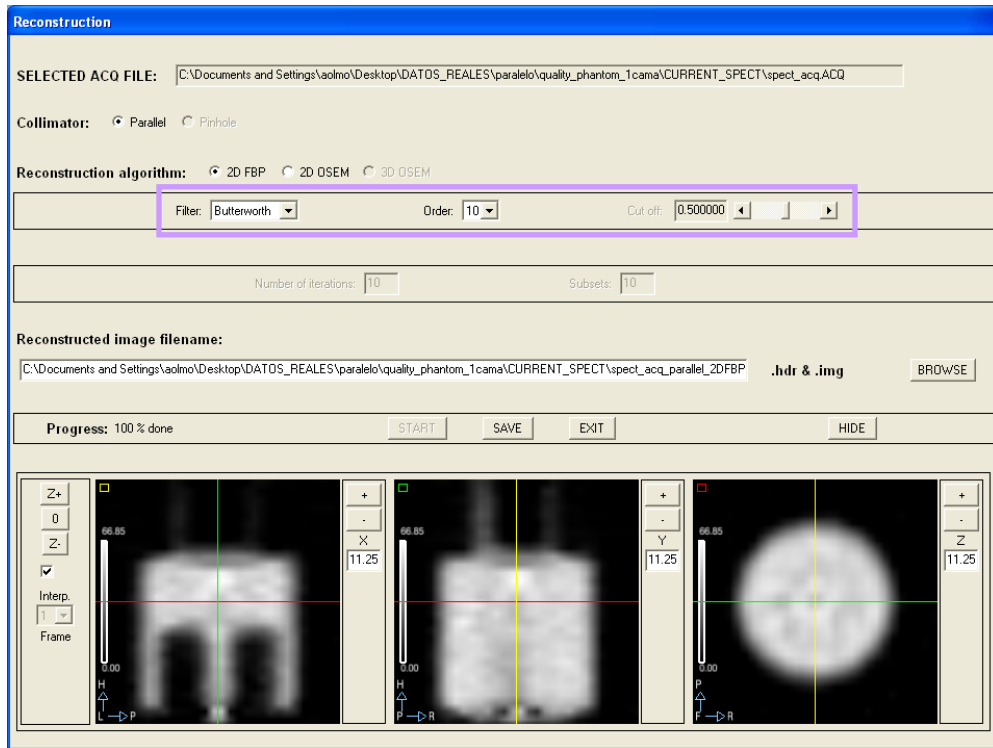


Figura 4.59. Maniquí filtrado utilizando *Butterworth* (orden 10, frecuencia de corte 0.50) sobre la imagen reconstruida con 2D FBP.

Dependiendo del tipo de reconstrucción seleccionado, el usuario podrá indicar diferentes opciones, de las que siempre tendrá un valor por defecto. Por ejemplo, si el usuario quiere reconstruir usando el algoritmo **2D OSEM** (Figura 4.60), tendrá que seleccionar el número de iteraciones y subconjuntos que quiere aplicar[16]:

- El *número de iteraciones*, que indica el número de veces que se va a repetir el proceso iterativo para obtener la imagen reconstruida.
- El *número de subconjuntos*, que indica el número de grupos en los que se va a dividir los datos de las proyecciones sobre el que se aplicará el proceso iterativo.

Por defecto, estos valores han sido definidos como 10. Los valores permitidos oscilan entre 1 y 100. Si el usuario introduce un número no permitido, será avisado mediante un mensaje informativo.

Figura 4.60. Selección del algoritmo de reconstrucción 2D OSEM y parámetros.

Si al leer el campo *collimator* (sección *calibration* del fichero.ACQ) el valor obtenido es uno, esto implica que el colimador instalado al realizar la adquisición es de tipo pinhole y el único algoritmo implementado para la reconstrucción es el *3D OSEM* (opción seleccionada por defecto en la ventana de reconstrucción).

Al igual que para el algoritmo de reconstrucción *2D OSEM* habrá que rellenar 2 parámetros adicionales, que son necesarios para arrancar el programa de reconstrucción: el *número de iteraciones* y el *número de subconjuntos* (estos valores también oscilan entre 1 y 100). Si el usuario introduce un valor no apropiado será informado con un mensaje de error, para que introduzca un valor correcto.

En este caso el aspecto de la ventana de reconstrucción será:

Figura 4.61. Ventana de reconstrucción del tomógrafo FSPECT para el caso de datos adquiridos con colimador pinhole.

Tras pulsar el botón **START** (internamente se llamará al procedimiento Reco3DOSEM_SPECT, explicado en la sección 4.3), se iniciará la reconstrucción y se irá actualizando la etiqueta **Progress**. Al llegar al 100 % se mostrará el corte sagital, coronal y axial de la imagen reconstruida en la parte inferior de la ventana y se habilitarán el botón **SAVE** y la parte central de la pantalla para poder realizar un post-filtrado adicional si el usuario lo prefiere. En cualquier momento el usuario podrá salir de la aplicación.

CAPÍTULO 5

5. EVALUACIÓN DE LA INTERFAZ DE USUARIO

Para validar el correcto funcionamiento de la interfaz de usuario desarrollada se han utilizado:

- Para el caso de la **interfaz del sistema de adquisición**: una versión de prueba del software de adquisición y control del tomógrafo la cual simula una adquisición real sin datos. De esta forma, se ha comprobado si la interfaz cumplía las especificaciones requeridas, es decir, si es capaz de lanzar el software de adquisición y control que es ejecutado en el PC de control, enviar señales software, descargar los ficheros generados en la adquisición y controlar errores.

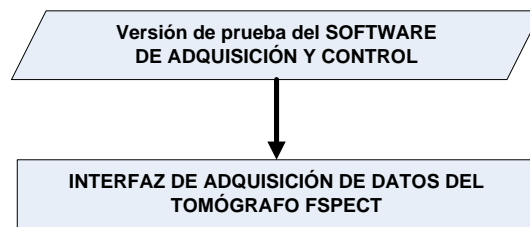


Figura 5.1. Validación de la interfaz de adquisición de datos.

Actualmente, se han realizado pruebas con el tomógrafo FSPECT, aunque el sistema de detección aún no estaba incorporado. Los resultados obtenidos son los mostrados en la sección 4.2.3 del documento.

- Para el caso de la **interfaz de reconstrucción**: datos obtenidos con un primer prototipo SPECT y ficheros de calibración generados por la interfaz de calibración del tomógrafo FSPECT (implementada en un proyecto desarrollado en paralelo al trabajo descrito en este documento y que ha sido referenciado a lo largo de todo el documento).

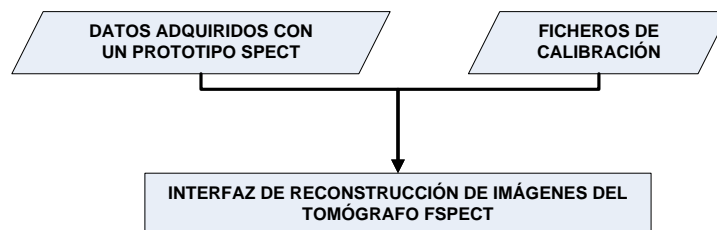


Figura 5.2. Validación de la interfaz de reconstrucción de imágenes.

Aunque se ha mostrado algún resultado a lo largo de la sección 4.3.1 del trabajo, pasamos a describir en este capítulo algunas de las pruebas realizadas con la aplicación de reconstrucción.

ESTUDIO ESTÁTICO adquirido con COLIMADORES DE AGUJEROS PARALELOS

Para el estudio del siguiente maniquí de calibración se han empleado:

- Archivos en modo lista generados por un prototipo SPECT anterior al FSPECT, tras adquirir una única posición de cama del maniquí de calibración homologado por la NEMA (*Nacional Electrical Manufactures Association*) que mostramos en la Figura 5.3. Dicho maniquí se utiliza para evaluar la calidad de la imagen SPECT obtenida. Antes de adquirir dichos datos, se rellenaron cada una de las distintas cavidades de las que consta el maniquí (en total 3 cavidades) con Tc-99m, en diferentes concentraciones de actividad.

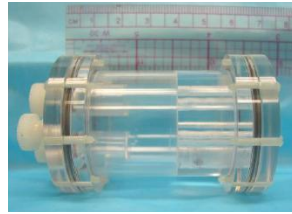


Figura 5.3. *QC-NEMA-PHANTOM.*

- Los ficheros de calibración especificados en el fichero.ACQ, seleccionado por el usuario de la ventana inicial de reconstrucción.

Partiendo de esos archivos en modo lista, la aplicación de reconstrucción genera las proyecciones correspondientes sobre las que se realiza un preprocesado consistente en determinar el espectro de energía para cada cristal y aplicar la corrección de energía necesaria para alinear y escalar estos espectros a una referencia común empleando los ficheros de calibración antes mencionados. Tras dicho proceso, se obtiene el histograma de energía mostrado en la Figura 5.4.

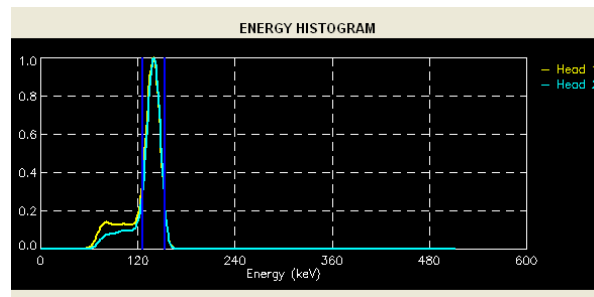


Figura 5.4. *Histograma de energía obtenido para ambos detectores del tomógrafo FSPECT.*

Como se puede ver, ambos espectros han sido escalados y desplazados teniendo como referencia los 140 keV correspondientes al canal de energía del foto-pico para el caso del uso del Tc-99m.

Tras la selección de la ventana de energía del estudio por parte del usuario y la aplicación de los factores de corrección de *uniformidad* también obtenidos en el proceso de calibración se obtienen las siguientes reconstrucciones (Tabla 5.1) empleando los algoritmos de reconstrucción disponibles para el caso de haber utilizado colimador de agujeros paralelos en la adquisición de datos.

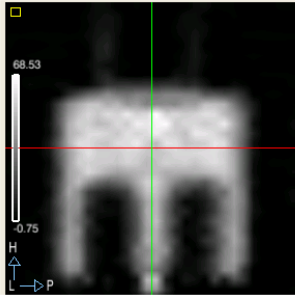
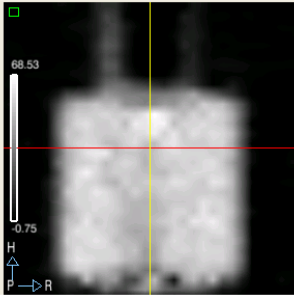
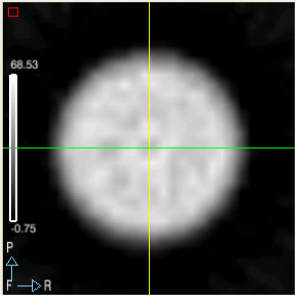
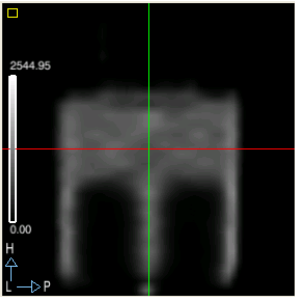
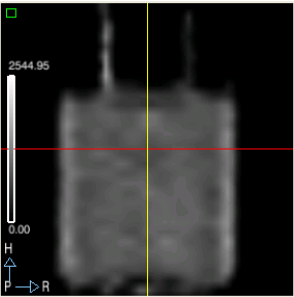
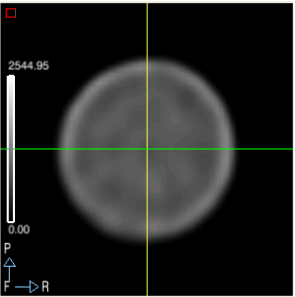
<i>ALGORITMO</i>	RECONSTRUCCIÓN OBTENIDA CON LA APLICACIÓN		
	SAGITAL	CORONAL	AXIAL
<i>2D FBP</i>			
	SAGITAL	CORONAL	AXIAL
<i>2D OSEM</i>			

Tabla 5.1. Reconstrucción de un maniquí de calibración, usando 2D FBP y 2D OSEM. Vistas sagital, coronal y axial.

Como se esperaba, el algoritmo de reconstrucción 2D OSEM, ofrece una mayor calidad, a costa de incrementar el tiempo necesario para reconstruir la imagen.

ESTUDIO DE CUERPO ENTERO adquirido con COLIMADORES DE AGUJEROS PARALELOS

En este caso, el estudio se divide en distintas posiciones de cama donde se aloja el sujeto. Se trata de un estudio óseo de rata, en el cual se adquirieron proyecciones en cinco posiciones de cama, con un prototipo anterior al FSPECT.

Para ello, se administró por vía intravenosa al animal un radiofármaco (MDP) marcado con Tecnecio-99 metaestable (Tc-99m). Tras el paso del tiempo de captación, se detectó la distribución del compuesto inyectado en 120 posiciones angulares alrededor del sujeto bajo estudio, teniendo instalados los colimadores paralelos.

Por tanto, partiendo de las proyecciones corregidas, la aplicación es capaz de generar la imagen tomográfica correspondiente a cada una de las camas, mediante la llamada al algoritmo de reconstrucción con los parámetros adecuados (Figura 5.5). Posteriormente, estas imágenes se colocarán una a continuación de la otra para dar lugar a una única imagen donde se observe todo el cuerpo.

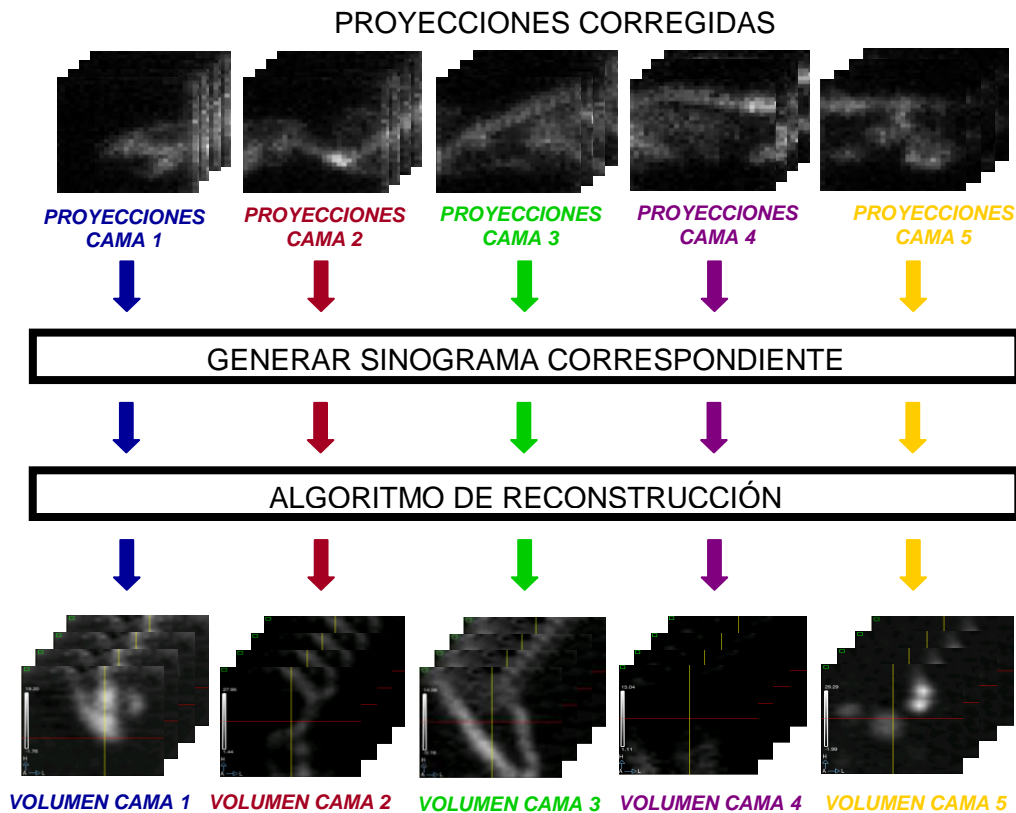


Figura 5.5. Esquema de reconstrucción de varias camas con la aplicación desarrollada.

Una vez reconstruida cada una de las camas, se genera la imagen final, teniendo en cuenta el número de rodajas solapadas entre camas consecutivas. En este estudio, el solape es de 8 rodajas, por tanto, el volumen final consta, en las zonas sin solape, del volumen de cada una de las camas y en las zonas solapadas de la media de las rodajas de cada una de las camas consecutivas. En la siguiente figura se muestra cómo se genera la imagen de cuerpo entero final.

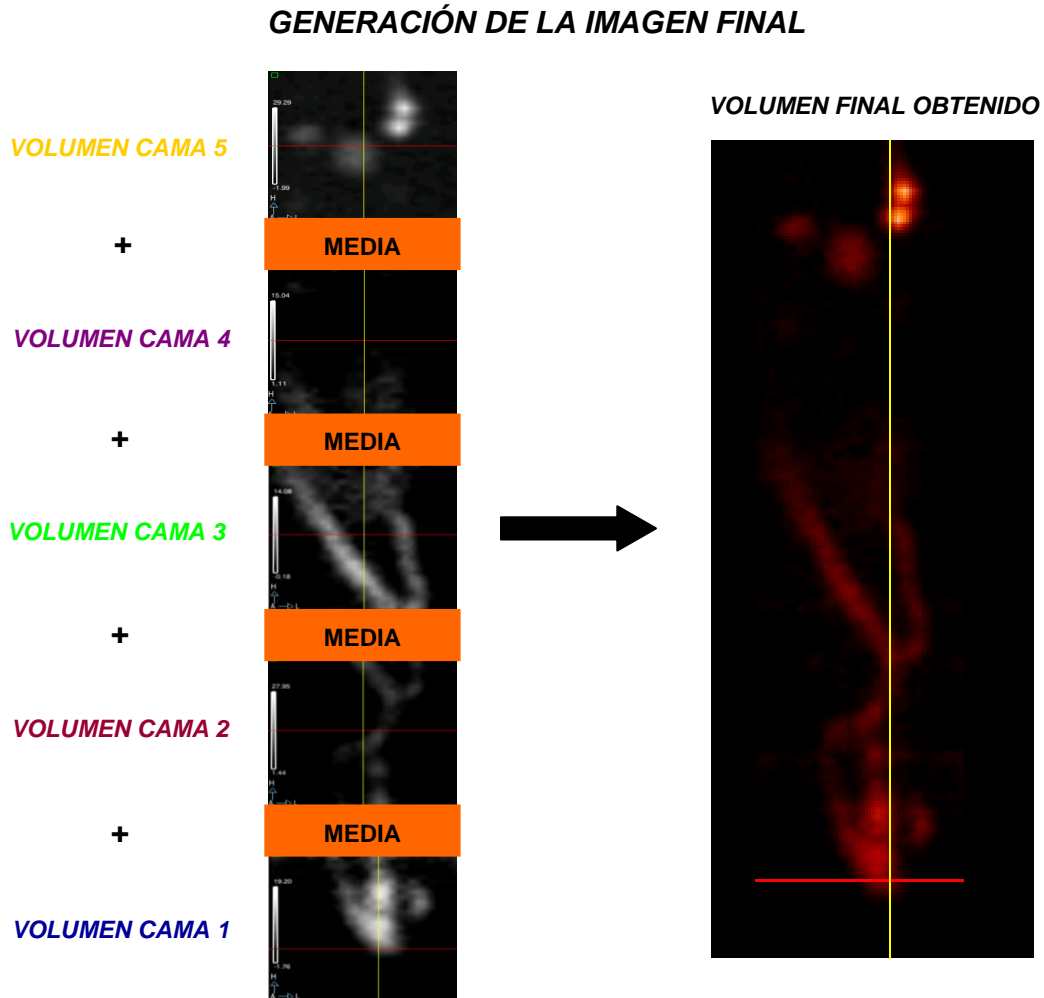


Figura 5.6. Obtención de la imagen de cuerpo entero a partir de las imágenes reconstruidas para cada una de las camas del estudio.

A continuación, se muestran los resultados obtenidos tras reconstruir dicho estudio con los 2 algoritmos de reconstrucción disponibles para la aplicación FSPECT: *2D FBP* y *2D OSEM* (Tabla 5.2).

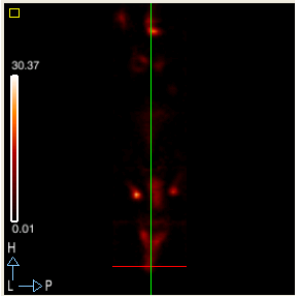
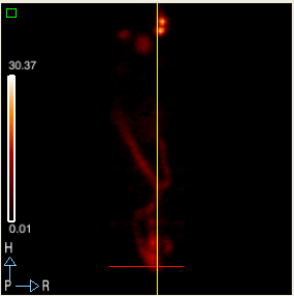
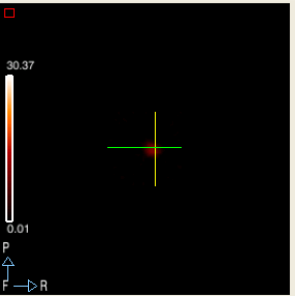
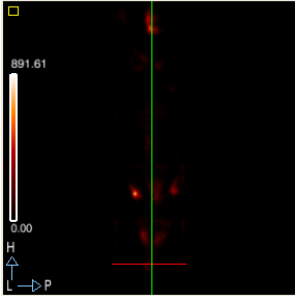
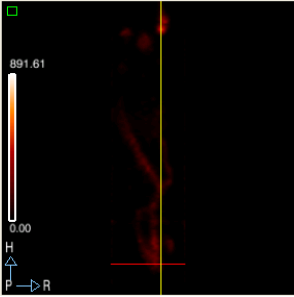
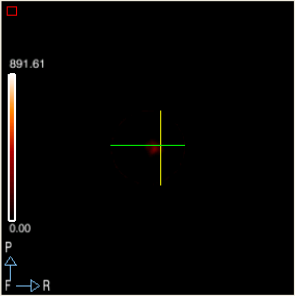
<i>ALGORITMO</i>	RECONSTRUCCIÓN OBTENIDA CON LA APLICACIÓN		
<i>2D FBP</i>	SAGITAL	CORONAL	AXIAL
			
<i>2D OSEM</i>	SAGITAL	CORONAL	AXIAL
			

Tabla 5.2. *Reconstrucción de un estudio óseo de rata, usando 2D FBP y 2D OSEM. Vistas sagital, coronal y axial.*

Como se puede ver en las reconstrucciones, las zonas más brillantes son las de mayor captación que en este caso son las articulaciones y columna vertebral, ya que como hemos mencionado antes, a la rata se le inyectó un trazador específico para hueso y articulaciones.

ESTUDIO ESTÁTICO adquirido con COLIMADORES TIPO PINHOLE

En este caso, el maniquí de calibración consiste en un soporte con tres pequeños orificios, con distancias entre puntos conocidas, donde se inyecta el correspondiente isótopo, Tc-99m. Se adquieren en una única posición de cama, 60 proyecciones con un prototipo anterior al FSPECT en el cual estaban instalados los colimadores tipo pinhole. Estas proyecciones son utilizadas como partida para validar el funcionamiento de la interfaz de reconstrucción.

En la Tabla 5.3 se muestran los resultados obtenidos tras reconstruir las proyecciones corregidas con el algoritmo 3D OSEM.

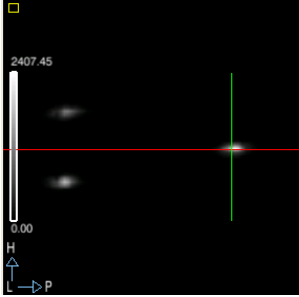
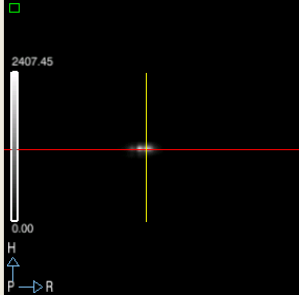
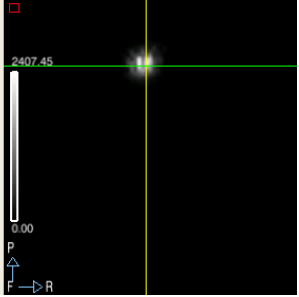
<i>ALGORITMO</i>	RECONSTRUCCIÓN OBTENIDA CON LA APLICACIÓN		
<i>3D OSEM</i>			
	SAGITAL	CORONAL	AXIAL

Tabla 5.3. *Reconstrucción de un maniquí de calibración, usando 3D OSEM.
Vistas sagital, coronal y axial.*

En esta imagen se puede ver perfectamente 3 puntos brillantes, correspondientes a los orificios en los que se inyectó el isótopo.

ESTUDIO DE CUERPO ENTERO adquirido con COLIMADORES TIPO PINHOLE

Se trata de un estudio óseo de ratón, en el cual se adquirieron proyecciones en cuatro posiciones de cama, con un prototipo anterior al FSPECT. Como ya se ha mencionado anteriormente, se administró al animal un radiofármaco (MDP) marcado con Tc-99m por vía intravenosa y tras la espera de un intervalo temporal se adquirieron 120 proyecciones en cada una de las distintas camas. En este caso, estaban instalados los colimadores pinhole.

Tras corregir los datos obtenidos, se pasa a reconstruir cada una de camas por separado, llamando al algoritmo 3D OSEM, con los parámetros adecuados. A continuación, se genera la imagen de cuerpo entero teniendo en cuenta que existe un solape de 10 rodajas entre camas consecutivas, siguiendo el proceso explicado en la Figura 5.6.

Este es el resultado obtenido, tras pegar el volumen reconstruido procedente de las 4 camas.

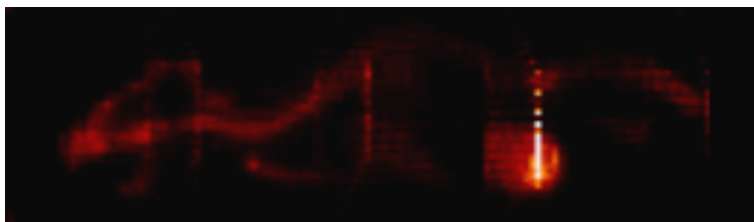


Figura 5.7. *Reconstrucción preliminar de un estudio óseo de ratón, usando el algoritmo 3D OSEM. Vista sagital.*

Al igual que en caso de cuerpo entero anterior, las zonas más brillantes corresponden con los huesos y las articulaciones. También se puede ver la vejiga con una mayor captación, ya que el trazador inyectado se elimina por vía urinaria.

En resumen, el funcionamiento de las interfaces de adquisición y de reconstrucción desarrolladas ha sido validado por un usuario no perteneciente al grupo de desarrollo del software que destacó su gran facilidad de uso, su interfaz cuidada y su robustez, obteniéndose algunos de los resultados mostrados anteriormente.

Por otra parte, cabe destacar que el trabajo realizado en este proyecto, se ha presentado en el Congreso CASEIB 2011 (*Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica*). Como resultado, se ha obtenido una publicación científica[32].

CAPÍTULO 6

6. CONCLUSIONES Y LÍNEAS FUTURAS

6.1. CONCLUSIONES

El objetivo de este trabajo ha sido incorporar al prototipo de tomógrafo SPECT para animales de laboratorio (**FSPECT**), una interfaz de usuario fácil de manejar que permita abstraer al usuario de la complejidad interna del sistema.

Para ello, se han desarrollado las siguientes interfaces:

- *Interfaz de adquisición de datos* que permite comunicar las necesidades del usuario (tipo de estudio que quiere llevar a cabo y sus parámetros) al propio tomógrafo. Esta aplicación es la encargada de ejecutar la llamada al programa de adquisición con los argumentos de entrada que definen el estudio tomográfico, iniciar o interrumpir la adquisición, informar de su estado y recuperar los ficheros generados del equipo integrado en el escáner (entorno Linux).
- *Interfaz de reconstrucción de imágenes* que permite generar las proyecciones corregidas (entrada de los algoritmos de reconstrucción), realizar las llamadas a los programas encargados de reconstruir las imágenes funcionales con los parámetros adecuados, post-procesar, visualizar y almacenar dichas imágenes con un formato específico.

Se ha validado el correcto funcionamiento de la aplicación con una versión de prueba del programa de adquisición y control, datos obtenidos de un SPECT real y ficheros de corrección generados por la interfaz de calibración que ha sido implementada para el tomógrafo FSPECT (proyecto fin de carrera[25] desarrollado en paralelo al trabajo descrito en este documento).

Tras asegurar que la aplicación desarrollada cumple las especificaciones requeridas, se ha procedido a incorporar dicha interfaz en el PC de usuario que se facilita junto con el tomógrafo FSPECT.

6.2. LÍNEAS FUTURAS

En cuanto a las líneas futuras posibles de este trabajo destacamos:

- Realizar pruebas adicionales de funcionamiento con el tomógrafo FSPECT.

Con las herramientas desarrolladas, se adquirirán y reconstruirán diferentes estudios. Actualmente, se están iniciando las pruebas pertinentes.

- Reconstrucción de estudios dinámicos y mejora de la reconstrucción de estudios de cuerpo entero:

Los programas de reconstrucción proporcionados por la Unidad de Biofísica y Bioingeniería de la Universidad de Barcelona (IDIBAPS) permiten reconstruir imágenes procedentes de estudios estáticos (adquisiciones de una única posición de cama del sujeto bajo estudio). Aunque se han mostrado algunos resultados de estudios de cuerpo entero (varias posiciones de cama del sujeto bajo estudio), actualmente se está trabajando en la mejora de la reconstrucción de este tipo de imágenes (pegado de camas), además, de en la reconstrucción de estudios dinámicos (opción disponible en la interfaz de adquisición). La solución para reconstruir este tipo de estudios es ejecutar el algoritmo de reconstrucción para cada uno de los *frames* (estudio dinámico) e integrar adecuadamente dichos volúmenes en una única imagen.

- Reducir el tiempo de procesamiento en la interfaz de reconstrucción.

Actualmente, el lector de archivos en modo lista encargado de obtener las proyecciones del estudio tomográfico adquirido fue implementado en IDL. Se propone programar dicho lector de archivos lista en el lenguaje C para optimizar el tiempo de procesamiento, y por tanto, reducir el tiempo de espera del usuario en la interfaz de reconstrucción.

CAPÍTULO 7

7. PRESUPUESTO

En este capítulo se presentan los costes globales de la realización de este Proyecto Fin de Carrera. Para ello, se tratan por separado los costes de personal y los costes de material.

- ***COSTES DE PERSONAL***

El Proyecto se ha desarrollado siguiendo un modelo estructurado de siete fases que llevan asociadas ciertas tareas que pasamos a describir a continuación. En cada una de ellas, se estima el tiempo dedicado a cada tarea en semanas. Cada semana de trabajo corresponde con 40 horas.

1. Fase de determinación de los requisitos.

Esta fase incluye la definición de los objetivos del proyecto y la determinación de las tareas que van a ser realizadas para conseguirlos.

Tiempo estimado: 1 semana

2. Fase de investigación preliminar.

Para poder iniciar el Proyecto se llevaron a cabo una serie de tareas que permitieron adquirir los conocimientos necesarios para afrontar el desarrollo del trabajo y preparar las herramientas utilizadas.

- Toma de contacto con la técnica de imagen utilizada (**SPECT**).
- Instalación de las herramientas necesarias para poder desarrollar la aplicación.
- Toma de contacto con el lenguaje de programación utilizado para implementar la aplicación.
- Estudio del funcionamiento del sistema de adquisición de datos del tomógrafo FSPECT.
- Estudio del procesado de los datos y conceptos sobre reconstrucción de imagen tomográfica en la técnica SPECT.

Tiempo estimado: 5 semanas

3. Fase de diseño de la aplicación.

Una vez determinados los objetivos y requisitos a cumplir por el Proyecto, se procedió al diseño de la interfaz de usuario:

- Estudio del lenguaje de programación **IDL**, basándonos en la interfaz gráfica de usuario.
- Diseño de la interfaz de adquisición y diagrama de estados.
- Diseño de la interfaz de reconstrucción.

<i>Tiempo estimado: 5 semanas</i>

4. Fase de desarrollo del software.

Esta fase abarca la implementación del software que hemos dividido en dos módulos: por un lado el software de adquisición y por otro el software de reconstrucción.

- Implementación de la interfaz de adquisición.
- Estudio de los códigos cedidos por el Laboratorio de Imagen Médica.
- Implementación de la interfaz de reconstrucción.
- Incorporación del código en la interfaz desarrollada.

<i>Tiempo estimado: 16 semanas</i>

5. Evaluación de la interfaz.

En esta fase se incluyen las pruebas realizadas tanto con el software de adquisición como con el de reconstrucción para comprobar que se cumplen los requisitos expuestos en la primera fase. También se incluye en esta fase las correcciones oportunas.

<i>Tiempo estimado: 4 semanas</i>

6. Fase de desarrollo del manual de la aplicación.

En esta fase se escribe el manual que contiene todas las funcionalidades disponibles en la aplicación desarrollada.

Tiempo estimado: 2 semanas

7. Fase de desarrollo de la memoria del Proyecto Fin de Carrera.

En esta última fase del Proyecto se elabora la memoria, donde se expone todo el trabajo realizado, conclusiones y líneas futuras.

Tiempo estimado: 9 semanas

Recogemos toda esta información en la Tabla 7.1:

FASE DEL PROYECTO	DURACIÓN (semanas)
1. Determinación de los requisitos	1
2. Investigación preliminar	5
3. Diseño de la aplicación	5
4. Desarrollo del software	16
5. Evaluación de la interfaz	4
6. Desarrollo del manual de la aplicación	2
7. Desarrollo de la memoria del Proyecto Fin de Carrera	9
TIEMPO TOTAL ESTIMADO	42

Tabla 7.1. *Fases del Proyecto y tiempo empleado.*

Por tanto, el tiempo total estimado (en horas) en este caso es de:

Tiempo total estimado: 42 semanas → 1680 horas

Teniendo en cuenta que el sueldo para un Ingeniero Técnico asciende a 25 €/hora, el coste total de personal asociado al desarrollo del Proyecto es de:

Coste total de personal = 42000 €

- ***COSTES MATERIALES***

A continuación se muestran los costes del material empleado para la realización del Proyecto:

MATERIAL EMPLEADO	COSTE
Ordenador personal (procesador Intel Core i7, con 4 núcleos y 8 GB de memoria RAM)	1500 €
Licencia lenguaje programación IDL	300 €
Ordenador propio del tomógrafo	1000 €
Versión de prueba del software de adquisición y control	1000 €
COSTE TOTAL	3800€

Tabla 7.2. *Importe del material empleado.*

- ***COSTE ECONÓMICO TOTAL***

A partir de los resultados obtenidos para los gastos de cada uno de los aspectos del Proyecto, calculamos el presupuesto final teniendo en cuenta el 18% de IVA (del impuesto indirecto sobre el consumo).

CONCEPTO	COSTE
Costes de personal	42000 €
Costes materiales	3800 €
Suma de ambos costes	45800 €
IVA (18%)	8244 €
COSTE TOTAL PROYECTO	54044 €

Tabla 7.3. *Presupuesto final del Proyecto.*

Por tanto, el **presupuesto total** de este Proyecto asciende a la cantidad de:

Presupuesto total = 54044 Euros
--

CAPÍTULO 8

8. GLOSARIO

- **ADC:** *Analog to Digital Converter*, Conversor analógico-digital.
- **ASCII:** *American Standard Code for Information Interchange*, Código estándar americano para el intercambio de información.
- **CFOV:** *Central Field Of View*, Campo de visión central.
- **COR:** *Center Of Rotation*, Centro de rotación.
- **CT:** *Computed Tomography*, Tomografía Computarizada.
- **EC:** *Electrón Capture*, Captura de electrón.
- **EM:** *Expectation Maximization*, Maximización de la Esperanza.
- **eV:** *Electrón-Volt*, Electrón-Voltio.
- **FBP:** *Filtered Back Projection*, Retroproyección filtrada.
- **FOV:** *Field Of View*, Campo de visión.
- **FTP:** *File Transfer Protocol*, Protocolo de Transferencia de Archivos.
- **FWHM:** *Full Width at Half Maximum*, Anchura a mitad de altura.
- **IDL:** *Interactive Data Language*, Lenguaje de datos interactivo.
- **IT:** *Isomeric Transition*, Transición Isomérica.
- **LOR:** *Line Of Response*, Línea de respuesta.
- **ML:** *Maximum Likelihood*, Máxima Verosimilitud.
- **MRI:** *Magnetic Resonance Imaging*, Imagen de resonancia magnética.
- **NEMA:** *Nacional Electrical Manufacturers Association*.
- **OSEM:** *Ordered Subset Expectation Maximization*.

- **PC:** *Personal Computer*, Ordenador personal.
- **PET:** *Positron Emission Tomography*, Tomografía por emisión de positrones.
- **PHA:** *Pulse Height Analyzer*, Analizador de altura de pulso.
- **PID:** *Process ID*, Identificador del proceso.
- **PMT:** *Photomultiplier Tube*, Tubo fotomultiplicador.
- **PS-PMT:** *Position Sensitive Photomultiplier Tube*, Tubo fotomultiplicador sensible a posición.
- **PSF:** *Point Spread Function*, Función de Dispersión puntual.
- **ROR:** *Radius Of Rotation*, Radio de rotación.
- **SPECT:** *Single Photon Emission Computed Tomography*, Tomografía Computarizada por Emisión de Fotón Único.
- **SSH:** *Secure SHell*, Intérprete de órdenes seguro.
- **UFOV:** *Useful Field Of View*, Campo de visión útil.

CAPÍTULO 9

9. REFERENCIAS

1. Madsen, M.T., *Recent advances in SPECT imaging*. The Journal of Nuclear Medicine, 2007. **48**, no. 4: p. 661-673.
2. Woolfenden, J.M., Liu, Z., *Biomedical significance of Small-Animal Imaging in Small animal SPECT imaging*. Springer: New York ed. 2005. 1-8.
3. Lage, E., et al., *A SPECT Scanner for Rodent Imaging Based on Small-Area Gamma Cameras*. IEEE T Nucl Sci, 2010. **57**(5): p. 2524-2531.
4. Franc, B.L., et al., *Small-animal SPECT and SPECT/CT: important tools for preclinical investigation*. J Nucl Med, 2008. **49**(10): p. 1651-63.
5. Gildehaus, F.J., et al., *Impact of Indium-111 Oxine Labelling on Viability of Human Mesenchymal Stem Cells In Vitro, and 3D Cell-Tracking Using SPECT/CT In Vivo*. Molecular Imaging and Biology, 2011. **13**(6): p. 1204-1214.
6. Lage Negro, E., *Sistemas tomográficos multimodalidad para animales de laboratorio*, in *ETSI de Telecomunicación*, J.J. Vaquero and M. Descó, Editors. 2010, Universidad Politécnica: Madrid.
7. Cherry, S.R., Sorenson, J.A., Phelps, M.E., *Physics in Nuclear Medicine*, ed. Saunders. 2003.
8. Núñez, M., *SPECT cerebral: aspectos técnicos a tomar en cuenta para obtener estudios de calidad diagnóstica*. Alasbimn Journal, 2010. **12**(48).
9. Beekman, F., van der Have, F., Vastenhouw, B., MSc1,2, van der Linden, A., van Rijk, P., Burbach, J.P. and Smidt, M., *U-SPECT-I: A Novel System for Submillimeter-Resolution Tomography with Radiolabeled Molecules in Mice*. The Journal of Nuclear Medicine, 2005. **46**: p. 1194-1200.
10. van der Have, F., Vastenhouw, B., Ramakers, R.M., Branderhorst, W., Krah, J.O., Ji, C., Staelens, S.G., Beekman, F.J., *U-SPECT-II: An Ultra-High-Resolution Device for Molecular Small-Animal Imaging*. The Journal of Nuclear Medicine, 2009. **50**: p. 599-605.
11. Villena, J.L., *Desarrollo de un sistema de adquisición de datos para tomógrafo SPECT de animales de laboratorio*, in *Ingeniería Electrónica*, E. Lage Negro, Editor. 2008, Universidad Politécnica de Madrid.
12. Townsend, D.W., *The theory and practice of 3D PET*, ed. B. Bendriem, Townsend, D.W. Vol. 32: Kluwer Academic publishers.
13. Almoguera, M., et al., *Medicina Nuclear en la práctica clínica*, ed. A. Soriano Castrejón, J. Martín-Comín, and A.M. García Vicente. 2009. 10-12.
14. Kak, A.C., Slaney, Malcolm, *Principles of Computerized Tomographic Imaging*. IEEE Press, 1988.
15. Rockmore, A.J., Macovski, A., *A Maximum Likelihood Approach to Emission Image Reconstruction from Projections*. IEEE Transactions on Nuclear Science, 1976. **23**(4): p. 1428 - 1432.

16. Hudson, H.M., Larkin, R.S., *Accelerated image reconstruction using ordered subsets of projection data*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1994. **13**(4): p. 601-609.
17. Zeng, G.L., *Computerized Medical Imaging and Graphics*. 2001. **25**: p. 97-103.
18. Del Pozo Guerrero, F., Ramos, M., Gómez Aguilera, E.J., Arredondo Waldmeyer, M.T., *Fundamentos de Bioingeniería*, in *Máster de Telemedicina y Bioingeniería*. 2010/2011: Universidad Politécnica de Madrid.
19. Meikle, S.R., Kench, P., Kaissiou, M., Banati, R.B., *Small animal SPECT and its place in the matrix of molecular imaging technologies*. Physics in Medicine and Biology, 2005. **50**: p. R45-R61.
20. Lage, E., et al., *rSPECT: A Compact Gamma Camera Based SPECT System for Small-Animal Imaging*, in *2009 IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*. 2009, IEEE. p. 3126-3131.
21. Lage, E., et al., *Data acquisition electronics for gamma ray emission tomography using width-modulated leading-edge discriminators*. Physics in Medicine and Biology, 2010. **55**(15): p. 4291-4308.
22. Bowman, K.P., *An introduction to programming with IDL*. Interactive Data Language, ed. ELSEVIER. 2006.
23. Gumley, L.E., *Practical IDL Programming*. 2001.
24. Barrett, D.J., Silverman, R.E., Byrnes, R.G., *SSH, the secure shell: the definitive guide*. 2 ed, ed. M. Loukides. 2005: O'Reilly.
25. Zamora, G.E., *Desarrollo de interfaz de calibración para sistema tomográfico SPECT de animales de laboratorio*, in *Departamento de Bioingeniería e Ingeniería Aeroespacial*, E. Lage Negro, Editor. 2011, Carlos III de Madrid.
26. Olmo, A.M., Zamora, G.E., *Manual de la interfaz de usuario del tomógrafo FSPECT: adquisición de datos, calibración y reconstrucción de imagen*. 2012.
27. Lage Negro, E., *Sistema de adquisición de datos para tomografía por emisión de positrones*, in *Ingeniería Electrónica*, J.J. Vaquero, Editor. 2006, Universidad de Alcalá.
28. Beque, D., et al., *Characterization of pinhole SPECT acquisition geometry*. Ieee Transactions on Medical Imaging, 2003. **22**(5): p. 599-612.
29. Abella, M., *User manual for RecoOSEM2D* 2011.
30. Abella, M., Pino, F., *User manual for RecoOSEM3D*. 2011.
31. Puchal Añé, R., *Filtros de imagen en medicina nuclear*, ed. E. Eurobook. 1997.
32. Olmo, A., Zamora, G., García-Villalba, C., García-Vázquez, V., Lage, E., Abella, M., Vaquero, J.J., Desco, M., *Interfaz de usuario para la adquisición de datos, calibración y reconstrucción de imagen para tomógrafo SPECT de animales de laboratorio*. in *XXIX Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica*. 2011. Cáceres.